

55  
5  
10  
15  
20  
25  
30  
35  
40  
45  
50

GAGAGGTTAC TTGTTACTCA ATATAAACAA AAATCAACTT TGTCAAATA AATGTGACAA  
AATTAAATAA AGTGTCAATCA ATGTGACAGT ATAGATATTT TGA AAAAGTA AAACAAAAA  
ATTGTTTTAG GATTTTTAAA ATTTTATTGT GAAAATATTT GCAAAACAAA ACAACACCGT  
GTACAATAAT GATTAATGGA AAGGGGGAAA GTTCGGCAGT ACAGTTAAAG CGCCTGTGCA  
AATAAATATT TGTATTTGAA GATTAAAGGT TAATATATGA GTGGCCTTTA TAGAGTGCAA  
TATATGTATT TGTAGACGAG GAGGATAGTG ATCGAATAGA TCGGCGGATG CTATCCCGGA  
TGTGGCTCAT TCGTTAGCTT ATTAAGTAAA ACATTAGGT GACTTAATGG ACAAAGTTAA  
TAAGATCGCC AGAAATTGAA TATAAAAAAT ATTAATATGG AAAGTACAGT GTGAGCAATT  
TGTATAGTTG TAAAAATAAC TATGCTTAAT TTGTTATGGA TGAATGCGAT GATAGCATGT  
TCCTATTTAT ATTATGAAAG CAGATTGTCA ATCTAAATTA TCGGCAATAA ATCATAATTT  
ACGCGTACTA TTCCAATATG GAGGAAAATG TCGTTATGTG TGGAATTGTT GGTATATTTG  
GCTATGATAA TGCCAAAGAA TTATTATTAA AAGGTTTAGA AAAATTAGAA TACAGAGGTT  
ATGACTCTGC AGGTATCGCA GTAGTAAATG ATGATAATAC AACTGTATTT AAAGAAAAAG  
GTCGTATTGC AGAATTACGT AAAGTTGCTG ATAGTAGCGA TTTTGATGGA CCTGTTGGAA  
TCGGTCACAC ACGTTGGGCA ACACACGGTG TACCGAATCA TGAAAACCTCT CATCCACATC  
AATCATCAAA TGGCCGTTTT ACTCTAGTTC ATAACGGTGT TATTGAAAAC TATGAAGAGT  
TAAAAGGTGA ATACTTACAA GGTGTATCAT TCATTTCAGA AACAGATACA GAAGTTATCG  
TTCAATTAGT TGAATACTTT TCAAATCAAG GACTTTCAAC TGAAGAAGCA TTTACAAAAG  
TGTGTCAATT ATTACATGGT TCATATGCAT TAGGTTTATT AGATGCTGAA GACAAAGACA  
CAATCTATGT TGCTAAAAAT AAATCACCAT TATTATTAGG TGTGGTGAA GGTTCGAATG  
TTATGGCATC AGACGCACCTT GCAATGTTAC AAGTGACAAG CGAATATAAA GAAATCCATG  
ACCATGAAAT CGTTATTGTT AAAAAAGATG AAGTTATTAT TAAAGATGCA GATGGAAACG  
TTGTAGAACG TGATTCATAT ATTGCTGAAA TTGATGCATC AGATGCTGAA AAAGGTGTTT  
ATGCACACTA CATGTTAAAA GAAATTCATG AACAACCAGC AGTAATGCGT CGTATTATTC  
AAGAATATCA AGATGCAGAA GGTAACCTGA AAATTGATCA AGACATCATC AATGATGTTA  
AAGAAGCAGA CCGCATTTAC GTTATTGCAG CAGGTACAAG CTACCATGCA GGTTAGTAG  
GTAAAGAATT TTTAGAAAAA TGGGCTGGCG TACCAACTGA AGTACACGTT GCATCAGAGT  
TTGTCTACAA CATGCCATTA TTATCTGAAA AACCATTGTT CGTTTATATT TCTCAATCAG  
GTGAAACTGC AGATAGCCGC GCCGTATTAG TTGAAACTAA TAAATTAGGT CATAAATCAT

1200  
1260  
1320  
1380  
1440  
1500  
1560  
1620  
1680  
1740  
1800  
1860  
1920  
1980  
2040  
2100  
2160  
2220  
2280  
2340  
2400  
2460  
2520  
2580  
2640  
2700  
2760  
2820  
2880

5 TACACGCGGG TCCTGAAATC GCAGTTGCAT CTACAAAAGC ATATACTGCA CAAATTGCAG 3000  
TATTATCAAT CTTGTCTCAA ATCGTTGCAA AAGAGCaTGG TCGTGAAGCA GATATTGATT 3060  
TATTGAGAGA ATTAGCAAAA GTAACAACAG CAATAGAAGC AATTGTTGAC GATGCACCAA 3120  
TTATGGAACA AATTGCTACA GATTTCTTAG AAACAACACG CAATGCATTG TTTATCGGAC 3180  
GTACTATTGA CTATAACGTA AGTTTAGAAG GTGCGTTAAA ACTTAAAGAA ATTTCTTACA 3240  
10 TTCaAGCAGA AGGTTTTGCT GGTGGAGAAC TTAAACATGG TACAATTGCC TTAATCGAAG 3300  
AAGGTACACC AGTTGTAGGT TTAGCAACAC AAGAGAAAGT TAATTTATCA ATTCGTGGTA 3360  
ACGTTAAAGA GGTAGTAGCA CGTGGTGAC ATCCATGTAT TATTTCTATG GAGGGTCTTG 3420  
15 AAAAAGAAGG CGACACTTAT GTCATTCTC ATGTACATGA ATTGTTAAG CCATTAGTAT 3480  
CAGTGGTTC ATTACAATTA ATTTCTACT ATGCAGCATT ACACAGAGAT TTAGATGTTG 3540  
ATAAACCACG TAACCTTGCT AAATCAGTTA CTGTGGAATA ATTCACCTTT TTAGAATCAA 3600  
20 TCATGTATTA AAATTAAAGT ATATGGCACC CTTTATAGT AATCGACTAG AAGGGTGCTT 3660  
TTTTAGGTTC ACTTaGCTTT TACTTCATCT TAATTTGGCA GAAATGCGTa AAAATGAAGT 3720  
25 GTTTTATTTA TTAAATAGT CTGACAATTA AGGGTGTAT GTTAATATGA TTTTATGAGA 3780  
AGTATGGAGT AGCAATAAAG GGTGACCTC GCATGTTAAT TCAATTAGAT CAAATTGGGC 3840  
GAATGAAGCA AGGAAAAACA ATTTAAAAA AGATTTCTTG GCAAATTGCT AAAGGTGATA 3900  
30 AATGGATATT ATATGGGTTG AATGGTGCTG GCAAGACAAC ACTTCTAAAT ATTTAAATG 3960  
CGTATGAGCC TGCAACATCT GGAAGTGA ACCTTTTCGG TAAATGCCA GGCAAGGTAG 4020  
GGTATTCTGC AGAGACTGTA CGACAACATA TAGGTTTTGT ATCTCATAGT TTAATGGA 4080  
35 AGTTTCAAGA GGGTGAAAGA GTAATCGATG TGGTGATAAG CGGTGCCTTT AAATCAATTG 4140  
GTGTTTATCA AGATATTGAT GATGAGATAC GTAATGAAGC ACATCAATTA CTTAAATTAG 4200  
TTGGAATGTC TGCTAAAGCG CAACAATATA TTGTTATTT ATCTACCGGT GAAAAACAAC 4260  
40 GAGTGATGAT TGCACGAGCT TTAATGGGGC AACCCAGGT TTTAATTTA GATGAGCCAG 4320  
CAGCTGGTTT AGACTTTATT GCACGAGAAT CGTTGTTAAG TATACTTGAC TCATTGTCAG 4380  
ATTCATATCC AACGCTTGCG ATGATTTATG TGACGCACTT TATTGAAGAA ATAATGCTA 4440  
45 ACTTTTCCAA AATTTTACTG CTAAAAGATG GCCAAAGTAT TCAACAAGGC GCTGTAGAAG 4500  
ACATATTAAC TTCTGAAAAC ATGTCACGAT TTTCCAGAA AATGTAGCA GTTCAAAGAT 4560  
GGAATAATCG ATTTTCTATG GCAATGTTAG AGTAAATATT TTGCAAATAA TAAGTAATAA 4620  
50 TGACAAAATT TAATTAAGAT AAAATGGACA GTGGAGGGCA ATATGGATAA CGTAAAAGCA 4680

AAAGATGTCA TTAATCAATT GAGAGAGAAA GGATATAAAG TATTTTGGC AACAGGACGT 4800  
 TCGCATTCTG AAAATACATC AACTTG 4826

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 276:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

10 (A) LENGTH: 4846 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 276:

GAATAAAAAG TAAATTTACT CGCCTTTGTT ACCTTTTACT TTATCAATaA AATCAGTTGC 60  
 TTTTCTTTT GCATTTTCAA CGAATTCTTT CGCTTTACCA GAAGCTTTAT CTTCTTTACC 120  
 20 TTCGTTTTCT AAATTTTAT TATCAGTAAC ATTACCTACT GTTCTTTAA CATTACCTTT 180  
 TGCTTGTTCA AATTTACTTT CGTCTGCCAT AATAAATGCC TCCTCGGAAT AATTAAATGT 240  
 TATATATAAT ACTTACCCAC TGAAAAATTA TCTAAACATT TTACTTAAAT AATTTTGTAT 300  
 25 ATTGATTGA CGTCATTTTA TAACTAGCGA AATAGATTCA TCATTAACTT GAGGGAGTGG 360  
 GACTGAAATA ATAAAGAATC ACTAATGATT TATGATGTAT TAGTCACTAG CCATGTGAAA 420  
 TTAAAAATAA GAATAAATGA GTAGCAGCGA TGCATATAGG ATTTTACTTT ATCCGTAATA 480  
 30 GCATCTCATT CCTAAATATC ATATAAATAC CTGTTTAAAT TAAAAGCCC AGCAACATCA 540  
 CGTTACTGAG CCATTAATAT GATTTATTTA GCAGGAATAA CTGCACCATT GTATTTTCA 600  
 TTAATGAAGT CTTGAATATC TTAGATTGT AATACITCAA TTAATGCTTT GATTTTCTTA 660  
 35 TCATCTTGAT GTCCTTCTTT AACAGCAATT AAGTTTGCAT AAGGATTATC TTTCGCACTT 720  
 TCTACAGCAA TAGAATCTTT TTTAGGATTT AGTTTTGTT CGATTGCAAA GTTCGAATTA 780  
 ATGATAACAG CATCAGCGTC TTCATTTTGA TAAATTTTAG GTAAGAATTC TGCTGATTGT 840  
 40 TTATTATTAA ACTTAATATC TTTTATTATC TCTGTAATAT CACTAACTT AGCATCTTCA 900  
 ATTTTACGC CTTTTTTGAT TTTAATTAAA CCTGCATCAA CGAAGAATTT TAAGAAACGT 960  
 45 CCTGTTCAG CTGGATTATT AGACACATAG ACTGTTGCAC CTTTTGGTAA TTCTTTTAAA 1020  
 CTTTATACT TTTTAGAGTA TACAGCCATA GGTCTAAGT GAACATCACC GGCACCTACG 1080  
 ATTTTGTAAC CTTTATCCTT TTTCTCTGTG TTTAAATATG GTGTATGTTG GAAATAGTTT 1140  
 50 GCGTCAATTT CACCTTTGTC TAGTAATTTA TTAGGTGTAG TGAATCGTT AATTGTTTAA 1200  
 ATATCTAGTT CATAACCTTT TTTCTCTAAT AATGGTTTTG CTTTTTCTAA AATTCAGCA 1260

55

	TTACCGCAAG CTGCTAATAC AACTGCAAAT GTTAATACTA AAATAAGACC AAATAATTTT	1380
	TTCATAAAAT GAAACCCCA ATTTATCGTT TATCAAGTTT ATTTGTAAGC CAATCCCCAA	1440
5	TGAATTGGAT TATAAATACA ATAATTAAAA TAAAACTGT TGATACTAAA ATGACATCAT	1500
	TTTGATTTTCG AGTGAAACCT GTTAAGTATG CTAAATTTCC TAAACCACCG GCACCAATTA	1560
	CACCTGCAAC TGCTGTTGAA CCAACTAAAG CGATTGCTGT AACTGTAATG CCAGACACTA	1620
10	GCGCTGGCAT AGCTTCAGGT AAAAGGACTT TACGAATTAC TGTCCAAGTA TTAGCGCCCA	1680
	TTGACCAAGC CGCTTCGATG ACACCTTTAT CAATTTCTTT AAAAGCAATT TCTACGAGCC	1740
	TTGCATAAAA CGGTGCTGCG CCAATGATCA AGGCTGGTAA CGCACCTGTC GGACCACTTA	1800
15	TCGTTCCAAG TATCAAACCT GTAAATGGAA TTAATAATAA AATTAAAAATA ATAAATGGTA	1860
	TCGCTCTAAA TAAGTTAACA ATGAAAGAAA CGATAGAATA AAATAACCTT GCACCGATAG	1920
	ACTTACCTTT AGCAGACAAG AATAATAACA CACCTAAAAT AAGACCAAGT ATAAATGCAA	1980
20	ATATAGTTGA GACGACTGTC ATGTATAGTG TTTCGACTAT TGCAGTCCAA ACTTCTGGCC	2040
	ACTGAATATT AGGCATTGTA ATCATTTTAT TTATAATTTT ACTAAATGAT TTACCCATGT	2100
25	CTTAACACCT CCATTTTAAC TTGTCGCTCA ATTAACCTTT TTTCGAATTT TCCGAAATCT	2160
	ACACTTGAAA TATATGGAAT ATGCAGAACT AAAAAGCCGA CTGTTCCATT TTTTGTATTT	2220
	TTAATATTG CTTCCTAAAAT ATTAATTTTA ATATCATAGG CAGTTGATAG ACTCGATACA	2280
30	ATAGGCTCGG TTGTTGTTGA ACCAGCGAAA ACTAATCTAA CGATATATGC ATCTTTTTCT	2340
	AATGGCTCTA ATTCTGTTAA AGATGTTTCG AAATCATCAT TTAAATCGTC TTTCACAAAT	2400
	CGTTTTGTCA CAGTGTGTTG CGGATTTTCA AAAACCTGTG TCACCGGTCC TTGTTCTATC	2460
35	ACTTTACCAC TTTCCATAAC TGCAACTTCA TCACAAATAC GACGAATGAC ATGCATTTCA	2520
	TGCGTAATTA GTACAATTGT TAAATTTTGT TGTTCCTTAA TTTTITAGTAG TAGATCTAAA	2580
	ATTTCTCTG TTGTTTGCGG ATCAAGTGCA CTTGTTGCCT CATCACAAAG CAAGACCGTT	2640
40	GGATCATTaG TAACGCTCGT GCAATCCCAA CACGTTGCTT TTGTCCACCT GATAACTCTG	2700
	ATGGATAAGC CTTTTCTCTA CCTTTTAAAC CGACGAGTTC GACAAGTTCT AATGCTTTTT	2760
	GCTTAGCTCT CTTCTAGGG ACACCTGCAA TTTCAAGCGG AAACATAATA TTTTTTAACA	2820
45	CAGTCCTTGA CCATAACAAA TAAAATGTT GGAAGATCAT ACTTACTTTT TGTCTTTTTG	2880
	CTCTTAATCC ATTTTGGAC AATTGACCTA TATGGTCTCC ATCTATAATA ACTTCACCTG	2940
50	ATGTAGGCGC TTCTAAATGA TTAACATTG GAATCAAAGT ACTTTTTCTT GCTCCAGAAA	3000
	AACCAATGAC GCCATAAATC GATCCTGCTC GAATCGATAA ATTAACGTGA TCTACAGCAA	3060



## EP 0 786 519 A2

TFCCTCCCTG TGTGCTTAA TAAAATAAAA AATGCTTTCT CAATATCGAT AGAAAAATTG 3180  
 AGAAAGCAAT AGTAGTATTG TTTCTCTCAT CTTCAAAAGT TAAAACTTTA TGTGAATTGG 3240  
 5 CACCATTICT ATATAAGACG GTTGCCGGGC TTCGTAGGGC ACATCCCTCC ACCACTCTCG 3300  
 ATAAGAGTTT ACGCATCATT TAATTTGTAT TAATCCTAAC ACCTTAGTAA AATTTGCTCA 3360  
 10 ATAACTATTT TAAATTTTCT AACAAATCAG TCACCGATTT AAATGCATAA ATTCGTTTTA 3420  
 CTTCTTTATC TTTATTCATC AACAAATAAAA TCGGCGTAGA CATGATTTGC ATATCTTTAC 3480  
 AAAACTGAGG ATAAAAGTTT AAATCTATTT TCAATAATGG TAACTGCAAT ATTCATTAG 3540  
 15 CAATGTCTAA CATTCTTTCT GAACCTTAC AAGTACCACA CGTTGGTGTA TAACCAAAGA 3600  
 TTAAATGTTT GTCTTCCTCA TAAATGTAG TTACATCTTT GATGTCTAAT GAATTATTCA 3660  
 TTTACTAAAA CTAACCTTTC ATTATTTATA TTCGGTAAAA GAGGTGTTTC TTTCTTACAA 3720  
 20 GTAAAGCCAT GTTTTGAAAG TACATGCGCC AAATATTGTT TGGGGCAATT CGCAACTTGA 3780  
 CAGTAAGTTT TATCAATAAA TATATGTTCA CTTTCACTCA AATAACGTTT AAACCAATTT 3840  
 CTAATTCGAT CTCCTTCGTC ATCAGAATCG GCTAATACAA AAACCTGTTT ATCATAACAGT 3900  
 25 GATTCTATCA TATCATCAAG CTTATCTATA CTCATTGTTT CATGAGTACA AATAATATTG 3960  
 ACTGGTTCTG CAATAACCTG TTGCACCCTT TTTTATCAG ATTTTCCTTC AACCAATTATC 4020  
 ACTTTATTTA CAATAGCCAT CATCATCACC CTTTAAATC AATAAACATC TGTCCTGTGA 4080  
 30 TCATTTTACA AAATTGGTAT GAATAAAACA TAAATCACAA AAAATTTAAA CTAGCTTAAT 4140  
 ATAATAATTA CAAACTCAAT GTTGACTAG CTGGAACATT TAACATAAGC AGACAAAGGC 4200  
 TAAGTCAAAA ATCAACATCC TAAAATCTAC AATGTTATAT TAACAATAGT TAACCAAAG 4260  
 35 AAAATACACC TATAACAAAC TTTTCAATTA TAGCGGGGCC CCAACACAGA AGCTGATGGT 4320  
 AAGTĒAGCTT ACAATAATGT GCAAGTTGGC GGGGCCCCAA CATAAAGAAA TACTTTTTCT 4380  
 TTAGAAATTA GTATTTCTTA TGCATGAGTT TTAATCATGT ATTCCTATTT TTAAATACAC 4440  
 40 ATTAGCTGTG GCTTATGAAA ACAGGCTGGG ACATAAATCA ATGTTCTATG CTCTACGAAG 4500  
 TTATATTGGC AGTAGTTGAC TGAACGAAAA TGCCTTGTA ACAAGCTTTT TTCAATTCTA 4560  
 45 GTCAGGGGCC CCAACACAGA GAATTTGAA AAGAAATTCT ACAGGCAATG CAAGTTGGGG 4620  
 ATGGGCCCCA ACAAAGAGAA ATTGGATTCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTG 4680  
 GGACGACGAA ATAAATTTTG CGAAAATATC ATTTATGTCC CACTCCCTAG ATTGATCTAT 4740  
 50 AGATACTACA CTTATTAAAG TAATATATTT TTATGATTCT CTTAGCTGCA ATCCCATGAA 4800  
 TACATGTAAT CATCAAACTT CATAGCCTCA AGGTCAGTAG ATTTCA 4846

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1843 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 277:

5	AACAAAGACA CAATCGAACA TGAACCATCA GTAAAGCTG AAGATATATC AAAAAAGGAG	60
10	GATACACCAA AAGAAGTAGC TGATGTTGCT GAAGTTCAGC CGAAATCGTC AGTCACTCAT	120
15	AACGCAGAGA CACCTAAGGT TAGAAAAGCT CGTTCGTGTTG ATGAAGGCTC TTTTGATATT	180
	ACAAGAGATT CTAAAAATGT AGTTGAATCT ACCCCAATTA CAATTCAAGG TAAAGAACAT	240
	TTTGAAGGTT ACGGAAGTGT TGATATACAA AAAAAACCAA CAGATTTAGG GGTATCAGAG	300
20	GTAACCAGGT TTAATGTTGG TAATGAAAGT AATGGTTTGA TAGGAGCTTT ACAATTAAAA	360
	AATAAAATAG ATTTTAGTAA GGATTTCAAT TTTAAAGTTA GAGTGGCAAA TAACCATCAA	420
	TCAAATACCA CAGGTGCTGA TGGTTGGGGG TTCTTATTTA GTAAAGGAAA TGCAGAAGAA	480
25	TATTTAACTA ATGGTGGAAT CCTTGGGGAT AAAGGTCTGG TAAATTCAGG CGGATTTAAA	540
	ATTGATACTG GATACATTTA TACAAGTTCC ATGGACAAAA CTGAAAAGCA AGCTGGACAA	600
30	GGTTATAGAG GATACGGAGC TTTTGTGAAA AATGACAGTT CTGGTAATTC ACAAATGGTT	660
	GGAGAAAATA TTGATAAATC AAAAACTAAT TTTTAAACT ATGCGGACAA TTCAACTAAT	720
	ACATCAGATG GAAAGTTTCA TGGGCAACGT TTAAATGATG TCATCTTAAC TTATGTTGCT	780
35	TCAACTGGTA AAATGAGAGC AGAATATGCT GGTAAACTTT GGGAGACTTC AATAACAGAT	840
	TTAGGTTTAT CTAAAAATCA GGCATATAAT TTCTTAATTA CATCTAGTCA AAGATGGGGC	900
	CTTAATCAAG GGATAAATGC AAATGGCTGG ATGAGAACTG ACTTGAAAGG TTCAGAGTTT	960
40	ACTTTTACAC CAGAAGCGCC AAAACAATA ACAGAATTAG AAAAAAAGT TGAAGAGATT	1020
	CCATTCAAGA AAGAACGTAA ATTTAATCCG GATTTAGCAC CAGGGACAGA AAAAGTAACA	1080
45	AGAGAAGGAC AAAAAGGTGA GAAGACAATA ACGACrCCAA CACTAAAAAA TCCATTAACT	1140
	GGAGwAATTA TTAGTAAAGG TGAAYCgAAA GAAGAAATCA CAAAAGATCC GATTAATGAA	1200
	TTAACAGAAT ACGGACCAGA AACGATAACA CCAGGTCATC GAGACGAATT TGATCCGAAG	1260
50	TTACCAACAG GAGAGAAAGA GGAAGTTCCA GGTAAACCAG GAATTAAGAA TCCAGAAACA	1320
	GGAGAYGTAG TTAGACCACC GGTCCGATAGC GTAACAAAAT ATGGACCTGT AAAAGGAGAC	1380
55	TCGATTGTAG AAAAGAAGA rATTCCATTc rAGAAAGAAC GTAAATTTAA TCCTGATTTA	1440

EP 0 786 519 A2

	CCAACACTAA AAAATCCATT AACTGGAGAA ATTATTAGTA AAGGTGAATC GAAAGAAGAA	1560
	ATCACAAAAG ATCCGATTAA TGAATTAAACA GAATACGGAC CAGAAACGAT AACACCAGGT	1620
5	CATCGAGACG AATTTGATCC GAAGTTACCA ACAGGAGAGA AAGAGGAAGT TCCAGGTAAA	1680
	CCAGGAATTa AGAATCCAGA AACAGGAGAT GTAGTTAGAC CACCGGTCGA TaGCGTAACA	1740
	AAATATGGgA CCTGTaAAAG GAGACTCgAT TgTaGGAAAA AGarGAATTc CaTTCaGGAA	1800
10	AGAcGTaATT TaTCCTGTTT AGCACCCGGG GCAGAAAAGT TAC	1843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 278:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 8536 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 278:

	TAAACAGCGC GTGTACTTGT GATTCCCCCT TCTTCTATTT TACCCACCCG GGAAATAATA	60
25	CTTTTCGCGA TTCCTTACTT GaACAAGCAA TATTTTATCa GCTGTTTCTT CAACTAAACA	120
	GACACATTTA ATCATCTTTG ACACCCCAAC TTTGTGAAAT CAATTTTTCa AATTATACTG	180
	TACAATTATG TTATCATATA TGAGTAGTTA TAGCGCAAAA CGTTAGCAAT TCAGCGCACC	240
30	CAACTTTTTCa TATAAACAGA AGATACTAGG GGGAAATTATT ATTATGGCAA AACgTTCCAA	300
	ATCACAACGT TTATCAAGTT TACTAAATGT CGCAGGTTTC ATAGTCGACG GCTACAATGG	360
35	CTATAAATAT CATGCTAAAA ATAAAAAATT AGTATATCTT TCATTAGGTT TAAGCACTGT	420
	AGGAACCGTG TTAGACTTTT ACATTTCAAT TAAGTCACCA CGTAAGTTCA AAAAAGCAGT	480
	GGCAGTTGTT ACTTTAATAA CAAACGGTGC TAGATTATTT ACAAGCATTc GCAAAGTAAA	540
40	ACATGAATAC TAATTCAGAA AAGGATTGGT CGAACATAGA ACATGAAGTT CATTGACCA	600
	ATCCTTTTTc ATATACAAAA ATTCCTATTA CAACAATCAC GACTTTGATA GCCCCGCCAT	660
	AAAATTTAGG ATTCAATCCA ACTTTTCAGC TTGTGaAATG TAATAGGaAT TCATTATATA	720
45	TTTATATACG TAAGACTTTA GTGAATATAT CTATAATTAT TTAATTGGTA AGCTGGTACC	780
	GTTCTGTAAG TTAAAATACC TGGTGCAGCT GAATAGTTCA TTTCTGAAAC TAAAATACTA	840
	CCATCGTTAT TTACACGTTc TACAAACATA ACATGACCAT AGTAACCTAC ATCTGTTTGA	900
50	GCGATAGAAC CTACAGTAGG TCTATTGTcG ATAGTGTAAC CATCTGCTGC CGCTGCGTTA	960
	TCCcAGTTAT TAGCATTCCA CCAATAAGTA CTAATACCTT TACCAATTTc AGCACGACGA	1020

## EP 0 786 519 A2

GTATTGTAAC CTCTATTTGT CGTTGTTGCA GATCCTGAGT TCGTAGATGC aTTACCAGTT 1140  
 ACTTTCAATT TTTGACCCGG ATATATAAAG AAATTATTTA AGCCATTTAA GCTCATAATT 1200  
 5 TTTTGATAAG TTGTACCATA TTTTGATGCA ATTAATGACA ATGAGTCACC TGCTTGACT 1260  
 GTATAGTATG ATCGCCACC TGAGTTCGTT GATGGACGGC TACTATTGCT CGCAGCGTTA 1320  
 CTTGAGCTAG CAGTACCTGA TACTTTTAAT TTTTGACCTG GATAAATAAA GAAATTATTT 1380  
 10 AAACCATTAAG GTCGCATAAT GTTTTGGTAA GTTGTACCAT ATTTTGATGC GATTAATGAT 1440  
 AATGAGTCGC CTGCTTGTTAC TGTGTAGTAT GATCCGCCAC CTGAGTTCGT TGATGGACGG 1500  
 CTACTATTAC TCGTAGAATT ACTTGAGCCA GATACTTTTA GTACTTGGTT TGGGAAAATT 1560  
 15 AGATTAGATG TTAAATTGTT TAATGACTTT AATTTAGCAA TCGAAATCCC ATACTTATTT 1620  
 GAAATTGCCC AACTGATTC ACCCGGTTTT ACTGTGTGAG TTGTAGCCGC ATTTGCTTGA 1680  
 20 GTTGCCGCAA CAGCGCTAAT CGCGCTTGTC CCAATAATAG CTGCAATTAC TTTTTTTTGC 1740  
 ACTTTAAAT CCTCCTCTTG CTAACTTTT CTAACATTCT TTTATCCGAA TTTATGAATA 1800  
 CTACATCATT ATACGATTTT ATTATGTATA ATAGGTTGAT GTTTGATGAC ATTATGaTTA 1860  
 25 CAAAAAATC ATATACTGTA TCATCAAATT TTATAATTAT CCCTTAAAT TATTACAACT 1920  
 TATTAGATTT TACAATATCT AAATTATTAC AATTTCATAA TATTTCACTA TAAAATGATT 1980  
 ACAATCCCTT TCTCTATTGG AAATAATTTT ATTCTCCAAC AATAACGCCC TACAAACATA 2040  
 30 AGCATGAACT TTGCTTGTTAG GACGCAATAT AATTTATTTT GCTAATGACG TTTCTATTGC 2100  
 CTTAATCTCA TCTTTAGATA AATTAACAGG TTTCTCTCCA TCTTTGACAT CTTCTGCAA 2160  
 CGCTTTTGA GCTTCTTTTG AATGATACAA TTCTACGATT TTAGCATATG TTTTGTATC 2220  
 35 CAAGTCTTTG TCATTAACCTG CAACAATATT AATATATGGC TTTACTGCAT CTGAATTGA 2280  
 TTTTCTAAA AATATCGGAT CATTTTtagg ATCTTTACCC GCTTTAGTTG CTACACCGTT 2340  
 40 ATTAATAACT GCAATATCGA CATCAGATAA AGCACGTGCA GTTGTTGTG CATCTACTGC 2400  
 AGTAATTTTT AAATGTTTTG GATTTGACGT TATATCTTTC ACCGTGCCTG CTAATCCGAA 2460  
 ATCTTTTTTC AGTTTTATTA AACCAGCTGC TTCTAATAGT TTAAGTGCAC GTGCTTGTT 2520  
 45 TGACACATCA TTTGGAATGA CAACTTTAGC ACCATCTTTA ACCTTTTTGA CATCTTTAAT 2580  
 TTTATCTGAG TAAATGCCCA ACGGTGCTAA AACTGTTGTA CTTAATGCTG AAATCTTTGT 2640  
 TCCTTTATGC GCCTTTTTAT ATTGATCTAA AAATGCAAAA TGTTGGAATG CATTCAATC 2700  
 50 AATATCACCA TCATTTAATG CTTTATTCGG TAAATTGTAA TCTGAGAAGT GCTTAATCTC 2760  
 CACATCAATA TCATCTTTTT TAGCTAATTC TTAAACCTTC TCCCAAGCCT TAGTGTCATT 2820

55

## EP 0 786 519 A2

	AAGTGCTACG ATAAC TAACC CAATCAATCT TTTCAATTCTA TCAATTCCTT TCAAAATCTT	2940
	CACTATATAT CATTAATGTC TACGTATGAA TCTAGCTAGA ACATTCCCTA GCGTTTGAAT	3000
5	CACTTGGACA ATAATGACTA ATACAATAAC GGTAATAATA ATGACCGTCG TATCAAATCT	3060
	TTGATAACCA TACTACTAAAG CTAAGTCTCC TATACCACCA CCGCCAACAG CTCCTGCCAT	3120
	CGCCGTACTT CCAATAAGTC CAATAATCGC AGTGGTAATT GCTAATACTA ACGAACCTAA	3180
10	AGCTTCAGGA ATTAAAAAAT ATCTAATGAT TTGTAGTGGT GAAGCGCCCA TCGnTTTCGC	3240
	CGCTTCAATA ATCCCCTCGT CTACTTCCAA TAATGAGTTT TCAACAAGTC TTGCAATGTA	3300
15	AGGTGCCACA TATACTGTTA AAGGCACGAT GGCAGCAGTC GTACCAATTG AAGTACCTAC	3360
	TACTAATTTT GTGAATGGCA CAATCGCAAT TAACAAAATA ATAAATGGTA GTGACCTTAA	3420
	AATATTGATT AAAGGATTTA AACTTGATG TATCACTATA TTGGGCCATA TGCCTTGTTT	3480
20	TCGAGTAATT ACCAATAAGA CACCTAATGG AATACCAATC ACTGCTCCTA AAAATAAAGC	3540
	AATAGATACC ATATATAGCG TTTCGTACAA TGCTTGTAAT AACTGTGCAC TGTCTAAATC	3600
	AGAACCAAAC ATATGTTAAT GcACCTCCTC AAATTGAATA TTTTCTCTT TGAAATATTG	3660
25	ATTTATTGCC GTGTCTTCAA ATTGTTGATC CATATTAAAT CGAAGCCACA TATAACATAC	3720
	GGTGTTACCT TGTATTTCTG ACATAGATGA AAATAAAATT TTAACCTCTC TGCCACAAAT	3780
	TTGAATCAAG TCATTTATAA TCGGTTGTGT CACCTGAGTT TCCTCGACGA AGATTTTATA	3840
30	ATCTTTAAAA TCGCCAACCT GTTCGTCAAT CAATCGACGA ATCAATGATG TACTTGCTC	3900
	AGTCTGTATA ACTGTAGACA CAAAATTTTG AGCAATCGTC GTTTTAGGAT GACTAAACAC	3960
35	CTCTTTAAcA GTTCCTGTTT CAACCACTTT CCCCTTTTCC ATTACAGCAA CACGATTACA	4020
	AATGTCCTTA ATAACGCGCA TTTCATGTGT AATCATCATA ATTGTAATGC CAAAGGTTTG	4080
	ATTGcCATTC TTTAATAACG TCAATATCGA AGCAGTCGTT GCTGGATCCA ATGCGCTTGT	4140
40	TGCTTCATCG CATAGGAGTA TTTTCGGATT AGTAACAAGC GCTCTTGCAA TAGCCACCCT	4200
	TTGCTTCTGC CCACCAGATA ATTCATCAGG AAATTGGTCT TTTTATCAC TCAATCCTAC	4260
	AAATTCAAGC ATTTCCGTTA CTCGTTGCTT AATTTCTGTT TTGCTTTTCT TACTTAAAT	4320
45	GAGTGGCATT GCTACATTTT TAAATACGGT AGCTGAATTT AATAAATTGA AATGCTGAAA	4380
	TATCATACCG ATATCTTTCT TAATATCCCT CATCATTTTA TCGCTATAAT TCGTAATATC	4440
	ATGTCCATCT ACAATCACTT GTCCATTCGA GGCAGCTTCA AGATGATTCA CGAGTCTTAC	4500
50	CAACGTACTT TTTCTGCAC CACTATATCC AATCACACCA AAAATATCAT TCGGATTGAC	4560
	CGTAAATGAT ACGTCCTTCA AAGCATCTAT TTTTGTCTC TTTTATTAA AGGTCTTACT	4620

55

	TAAGAGCATT	ATATGTAAAA	TGTCATATAT	CGTcAATACA	ATTTGCCGAA	TTTTCTAAAA	4740
	AATTAAAAAA	TAAGTAATTC	ATGTGACAAT	GACGAATTGT	GAGACTACTA	TGACATTTAT	4800
5	CAAAATTAAAT	CCATAAAAAAT	GTCCACCAAT	CCTCCACAAC	GCAATTACTA	AATATTAAACA	4860
	TCGCACAAAA	AAGCACTAGC	ATATTCAAGA	ACAACAAACG	TTGAACTCAA	AATATATGCC	4920
	AGTGCTGCTA	TTATTTATAA	AGTATCTAGT	GCTTGTTTTA	AATCATCGAC	TAAATCTTCA	4980
10	GTATCTTCAA	TACCTACAGA	AATTCTTACA	AGTCCGTCTG	TAATACCTTC	TTTAGCTCGA	5040
	ATATCTGCTG	GAATGGATGC	ATGTGTCATC	AATGCAGGTA	CTGAAATTAA	ACTTTCCACT	5100
	GCACCTAAAC	TTTCAGCTAA	TGTGTAATAC	GATGTGCTT	TAATCAATTG	TTTGGCACTT	5160
15	TCTGTATTTT	TCACCTCAAA	TGCAATCACA	CCTGTATGGC	CATCCGCTTG	AGCCATATGG	5220
	ACATCATGAT	TTAAATGACT	TTCAATACTT	GGATGGAACA	CTTGTTGCAC	AGCTGGATGT	5280
20	GCTTGTAACA	TTTTAATAAT	TTCAATAACG	CTGCGATTAA	TTTGTTCCTT	ACGTAAACCT	5340
	AATGTTTTAA	TACCCCTCAC	AAGTAAATAG	CTATCTTGAG	GTCCTAAAAT	GCCACCTGTT	5400
	GAATTTGAAA	TAAATGCTAA	ACGTTCTGCA	AGCTTGTCAT	CCGATGTTGC	AACTAAACCA	5460
25	GCAACGACAT	CACTATGTCC	ACCTAAATAT	TTCGTTGCAG	AATGTAAGAC	AATATCGATA	5520
	CCTAAATCTA	ATGGATTCTG	ATAATAAGGT	GTCATAAATG	TGTTATCAAC	AACTGAAATC	5580
	AAACCGTGTT	CTTTCGCAAT	TTCAGCAGAC	TTTTTAATGT	CAGTAACACG	TAATAATGGA	5640
30	TTAGAAGGTG	TTTCAATAAA	CAACATCTTT	GTTGTTGGGC	GTATCGCTTG	TACAATTGAA	5700
	TCTGTATGCG	TTGTATCTAC	AAAATCCACT	TCAATGCCAA	ATCGTGTAAG	TACTTTTGTC	5760
35	AATGCGCGAT	AAGTACCGCC	GTATACATCT	GAATTTAAAA	TAATATGATC	TCCTTTGTCC	5820
	AACAGCATAA	CAACTGCACT	GATTGCTGCA	ACACCTGAAC	TAAATGCAAA	GCCATGTTTG	5880
	CCATTTTCTA	ATGTCGCAAT	AACGCTTTCT	ACAGAACTTC	TTGTTGGATT	CGCAGTACGA	5940
40	GAATATTCAT	ATCCTTGACG	TAAATCACCA	ATATCATCTT	GTAAATATGT	ACTTGTTTGA	6000
	TAAATTGGTG	TTGTAACGGC	ACCTGTATAA	TCGTCTGTTG	TGTGCCCACC	ATGAATTAAT	6060
	TTAGTTTTCT	TGTTCAATTAT	TATTCTCCTC	ATAATTAAAT	ATTTGCTTAG	ACATATATCG	6120
45	ATCACTACCA	TCTGGAAATA	CGACAACAAT	CGTACCTTCA	GATAATTGCG	CTTTTAAATT	6180
	CAATGCACCT	TGTAATGCTG	CACCTGaAGA	ACTGCCTACT	AACAACCCTT	CATTTATAGC	6240
	CAAACCTTTG	ACATTTGCGA	AGGCATCTTG	ATCTTTAATC	GTAAATATCC	CATCTACAAG	6300
50	ACGTCTCTCT	AAAAATATCG	GCCATTTCTC	AGAACCGATA	CCTTCAGTGT	CATGTGCATG	6360
	AGCTGGCCCT	CCATTTAACA	CGGACCCTTC	TGGCTCAACG	GCATAACATT	GCACGTGATG	6420

55

## EP 0 786 519 A2

	ATAATCAATT TGCTGTAATG CTGAAGTCAA TTCGGGTCCC AATGTATGAA AATATGTATC	6540
	CGGATTATGT TCGGATTCAA ATTGATTCAT ATAAACGGCA CCATATTTTT CAGCATAGGA	6600
5	ACGTGCAGCT AATTGTGCCC CATGCATACC TTCAGACTGA CTCGTCCTTG AACTTTCTGC	6660
	ACCAAGCGCT ATCATAATAT TAATCTTTTC TTCTGAAAAA CCATACGGCG CAAAGATCTT	6720
	ACATTTCAAA TGATGTCTAT TCGCTGCAAT AGCTAACCCCT ATGCCTGTAT TACCAGCAGT	6780
10	CGCTTCAACA ATAGTTTGAC CTGCACGCAC ACGCCCTTCT TGAATTGCCT TCTCTACTAA	6840
	ATATTTCCCG AGTCTGTCTT TAACACTGCC TCCAGGATTC CATTGTTCAA GCTTGGCATA	6900
	AATTTTAACT TTATCATCAC TATAATGTTT TAACAGTACT AATGGTGTAT TGCCaATTAA	6960
15	ATCATAAGTA ATCATAGATG CACCCTCATC TGACATGCCG ATCAAATGAA TGAAACCTTT	7020
	CTTCATGTCT CAATTTTAAT TCTTACTTTT CAGATAAGAA TTATAAACGA CATTTTGTTA	7080
20	TTTTGCAATT ATCTAAGTTT CGATTAATTC AGAACCAGTA CTAAATTTTC AATTCCAAAC	7140
	AAAAAAACAC CTGAGCAACA CAAATACTTG TGTGTCAGAT GCTTCTATAT ATTAATAAA	7200
	TAATTGCACG ATAAAGACTA AAATAATAAC GACAGGCATC GCATACTTAA TTAAGTAATA	7260
25	CCAACCACTG AATAATCTAA ATCGATCTTT ACCAAAATAT TGTGTGAATA ATTTTTTATC	7320
	TAATAATTGT CCTACGACAA GCGTAGTACC TAATGCGCCT AATGGCATCA ATACATTGCA	7380
	AACGATGAAA TCCATATTAT CAAAAATCGT TCCCGCACCG AATCTTACAT CTTTTAAGAT	7440
30	ACCAAAAGAT AAGGTTGCTG GAATACTAAT GATAAATACT AAAATACTAC CGATCACTGC	7500
	GACTTTTTTA CGTTTGTAT TGTCATTCTT CGTGAAGTTA GAAACATTTA ATTCTAATAA	7560
	AGAAATAGAT GACGTTAAAG CCGCAAATAA GAACAGCACT AAGAATCCCA AATAGAATAA	7620
35	TGTGCCTAGA TGCATTTGAC TAAAGACCAT TGGCAGTACT TTAAATAATA ATCCAGGCCC	7680
	TTCTTGTGGT TCATAGCCAA AACTATGTAA AGCCGGAAAT ATAGCTAGAC CTGCCAATAC	7740
40	AGATACAAAG ATATTCATAA CAACGATAGA AATAGCTGAT GACTTAATCG TCATGTCCTT	7800
	AGAGGCATAA CTCGCATAAG TAATCATACC TGTAGTTCCT AATGATAACG TAAAGAATGA	7860
	TTGACCTAGC GCAAACAAGA TGCCATCAGC AGTAATCTCT GATACTCTTG GTTGTAATAA	7920
45	AAATTTTACA CCTTCTAAGA CGCCATCTAA TGTTAAAGAC TTAATCACAA TGACGATTAA	7980
	AAAGACAAAC AGCAATGGCA TCATAACTTT CGATGCCTTT TCTAATCCTT TTTCAACACC	8040
	TAACATGACA ATAATCATCG TAGCGAATAT GAATATACCT TGCCCTAGAA CGGTTAACCA	8100
50	AGGATTTGAT ATTACCGCTT CAAAATTCAT TTCTTGAGAG TGATTGATGC GTTGAAATAT	8160
	AACTAATTGC CATAATACTT GTCCGATGTA AATGACAATC CAACCACCGA TAACACTATA	8220

55

TTTACCAGTT AATTTACTAT ATATTTGTGT TGTATATGTC CGTCCCATT TCCCAACAGT 8340  
 GAATTCCATA ATGAGTAATG GCAACCCAAC AAAAATGGTG AATATTAAGA ACATAGCTAG 8400  
 5 AAAGGCACCG CCGCCATAAA TCCCTGCCAT ATATGGGAAT TTCCACATGG CACCAAGACC 8460  
 GATTGCAGAA CcCGCACTAG CTAAAATAAA TCCAGTTGAT GACTTCCATT GTGATTGTTG 8520  
 TCTTTTCATC ATTCAC 8536

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 279:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

15 (A) LENGTH: 4328 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 279:

GCTTTGGCCA TTTTATGTGG CGATTGAGAC AATCtGTkGT TGTCTTATTT GATGTTGTAT 60  
 TTCAACTGGT AATTCTAGTT GCGATTGAAA TAATGGCAAC TTTTCCAAT CATTAAACAAA 120  
 25 TAATTCAATA CCTGCTATGT CTAATACTTT AGCACGTGCA TCATCAACAA GACGGCGTTC 180  
 CAATTGATTT GCTTCTTCTT TAATACCTGG TGACGTACTT TCTAATATCA AATTAGATAT 240  
 AGGGATGTGA CCATTAATTG CATAATATAA TGCAACACGC CCACCCATTG AATATCCAAA 300  
 30 CAATGTTATT GATTATCTT TATATTTATC TAAAAATTCGG TCTAACAACG TCGTAATATA 360  
 ATCAAAATTC CACGTTTCAT CCATTGAAGA CTGATCTTCG CCATGGCCTG GTAAGTCTAT 420  
 35 AGTGATGACA TGATAGTTAT CAGTAAATTT TTCGATGTGA TTATGATAAG TACGGCTGTC 480  
 GCTAAGAAAT CCATGCAGAA ATACTAAAAC TTGATTGGTC TCAACGTTTG CTTCATAAAA 540  
 TTTATAATGT GTCATGAATC ATTTCACTCA ATTTCTGGTA TAAAATTGA TGCTGTTTAA 600  
 40 AGTTATCTTC GCGATTCGTT ATCAATTCAT AAATCGTCGA AGTTTCAGAT AACATGTGG 660  
 CATTTTTTAA TTCTGAAACA CTGTAAAAAC GTTTAAAATC GAATTGATAT AACTTAGCTG 720  
 TATACTCGAA ATCCAATCCC GTCGGTGTGC CAAACAACCG TTCAAAATAG TCAGTTGCAC 780  
 45 TTTCTTTTTG TGGTAAATAT GAAAAATAC CGCCACCATC GTTGTTCAT AATACAATAT 840  
 TCATCTGAAT ATTATTTAAT TTTGACATTA ATAGTCCATT CATATCATGA TAAAATGATA 900  
 AATCACCTAT CAATAATGTT ATTCGTTTAT GCACAGCCAT ACCCAGTGCA GTTGAAACGA 960  
 50 TACCATCAAT ACCATTCGCA CCACGATTCG CATAGACATC TATATTTTAA TTCAATAACA 1020  
 AGTTATCTAC ATCTCTGATA GGCATACTAT TACTAATAAA TAATGCATCT TTTTCAGATG 1080



EP 0 786 519 A2

	TAATTTCTTT	ACGCCCTTTT	TTCTCTAAGC	ATTGCCATTT	TTCTAACCBA	CTTACGCGAT	1200
	TAACTGTCGT	GTCTTCCATT	AATGACCTAA	AGAAATCATT	CGCAGAAATC	TCATATGAAA	1260
5	TATCTGGCGC	TATCGGAAAG	ACATCAATCT	TATCATTGTT	TTGCACTAAT	ATTTGAAATG	1320
	CATCAGTTTT	CTTTAACCAT	TGATTTAACT	TTTTAGAAAT	CACTGGTTTC	CCAACACGAA	1380
10	TTACGAAATC	CACATTTAAG	TCTAAGCCGC	TTCTAAACAG	CAAATCATAT	GTACAGATAA	1440
	CATTCGGATG	ATCAAATTTT	CTTAAATGAC	TTAAAGGATC	AGCTAAAATA	GGCAAATCAT	1500
	ATATCGTTGA	ATACGTTAGT	ATTTGaTCAA	CTTCTTGGTG	CTGCATATCC	CCTACAATAA	1560
15	TTAAACCTTT	TTTCTTATTT	AAAATGTGTC	TTAATGCCGA	TGCATCTATA	CTTTTTTGAT	1620
	AGTGCGGTAA	AATCTTCATC	TCAGAAGTTA	ACAATTCTGT	TGCATTCAA	TCAGGTGTTA	1680
	ACGGATCTCT	AAATGGCAAG	TTAAAAAGAA	TTGGCCCTTT	ATGTGGTCCA	TATAAATATT	1740
20	GACTAGCAAT	TTGCATTTGA	TAGTAAATTG	CATCAATGGT	CTCTTTACTA	TCATCCGCAA	1800
	TAGGCATATC	GAATCATAA	CTTACATAAT	TATTAAACAT	ATTTACTTGA	TTAATCGCTT	1860
	GTGGTGCGCC	TACACTTCTT	AATTCATGCG	GACGGTCACT	TGTTAAAACG	ATTAAAGGAA	1920
25	TTCTACTAAT	TTGGCTTTCA	GCAATTGCAG	GCGTATAATT	CGCTGCTGCT	GTACCTGACG	1980
	TACATAATAT	AGCGACAGGT	CTTTCCTGTC	CTTTAATTAA	CCCAACTGCA	AAAAACGCTG	2040
	CACCTCGCTC	ATCGGGGTGT	ATCCATGTTT	TAATATTTGG	ATGTGCTTCA	AATGCAAGTG	2100
30	CAAGTGGCGT	TGAGCGTGAT	CCCGGACTGA	TAACTACTTC	CCTTACGCCG	TACGCATATA	2160
	ACTCAGATGC	AAATGTAAAA	ACTTGCTTCG	TTAAAGCTGC	TTTATGATTT	CCCATTGATA	2220
35	TCGACTCCTA	ATGCATTCAT	CATAGGTGTG	AACTTAAGGT	TCGTTTCTGC	CAATTCATA	2280
	TCTGGATCAG	AATCTTTAAC	AATGCCACAC	CCAGCAAATA	AAGTTGCTTG	TGCTTTCTTA	2340
	ATAAGCATCG	AACGAATTGC	AACAATAAAT	TCACAATCAT	CGTATATATC	TATATAGCCA	2400
40	ACCGGTGCAC	CATATAATCC	TCGCGTACCA	AATTCTTTCT	GCTCAATAAA	ATCCATTGCA	2460
	AATTCTTTTG	GATAGCCACC	TAAAGCAGGT	GTTGGATGTA	AATTATCAAT	TAAACTAATA	2520
	TACGAATCAT	CCTTCAGTGG	CGCCTTTATT	TCAGTGTACA	AGTGATATAA	ATGATCATT	2580
45	TTTAGAATTT	TAGGCGTCTT	ATCATAATGT	AATTCAGTGA	TATAAGGTTT	AATATCATGT	2640
	AAAATACTGT	CAACAACAAA	TCGATGTTTC	ATTAAGTTTT	TATTATCTTT	TAAAAATGCT	2700
50	TCAACATTTT	TTGTATCTTC	GTCCTCATCT	TGTGAACGTT	TAATGTGACC	TGCTACAGCT	2760
	TTAGTCGATA	GTATTTTATT	ATTGACCTTT	ATTAATTGTT	CAGGTGTTTG	TGAAAAGAAT	2820
	ATAGAATCTT	GTGATTCTAA	CAAGAATATA	TAACTGTTTT	TTTCTTTAGA	ATATGCTTGC	2880
55							



ACAATTTTTT CTTCAATTATT AATAGATTCT ATAGCTTCTA CTACAAGTTG ACGCCAGTCA 3000  
 TCTTTATAAA TATCTTCATT TCTAGTAATT TCCCCAATTT GCTCGTCCAC ATCTATGTCC 3060  
 5 GATATATTGT TGAACAAATC CATTAAATCG TTCAATGCCT CAACAGTAAA ACTTTCCCTT 3120  
 TTAAGTGTAT AAGTTAAAAA TGTCCCATTA TTATCAGTTG AAATTAAAAAC TTCAGGTAAT 3180  
 ACAAATGAT TTAGTCCAAA CTCTCGCCAT TCATCATCTG ATTTATGACT TGAAAATTGG 3240  
 10 AACCCCTCAA CAACTCGAAG ATGATGTTTC TCAGATTGCG GATGTATAAA TGTGATGTTA 3300  
 TGTTTTAATT TTTCCAGTC TTTAAAAATA GATTGTTTAT TTTTAGAATT ATTTTGAAT 3360  
 AATTGAATTG CTTTGTAGCC AAAATATGAC GTTCGATTAT CATTCAAACG CATATAAAG 3420  
 15 CGATCTCCTG CCTCATGTGC AGTGAGATGA AATAATGTGC TCGGGTCTAG TGAAGTGTAT 3480  
 AATTTCACTT CAACTGAAAC CCATTCCTTT GAGCTGCCAT ATATCTCTTT GACAATATCG 3540  
 20 TCCTCTAATA CGCCCGTAGC CATCCATTTC ACTTCTTTCT TCGTCTTTTT TCACTCATTA 3600  
 TTATATTGTA TCATTTTTGG ATAATTGTGT TACAAGAATT GCTTAAACTT ATCTTGCAAT 3660  
 TTTTCACGTC AATTGACCTT TATGCTACTT TCTATTAAAA TATCTTTGTT ATAAAAATA 3720  
 25 TGATTAAAG AGGTTTTGTA TTCAATGAGT AATCAATATC AGCAATATTC TACAGTTAAG 3780  
 AAATATTGGC ATTTAATGCG TCCTCATACA TTAAGTGCTT CCGTAGTACC CGTTTTAGTT 3840  
 GGTACAGCAG CATCTAAAAT ATATTTTCTT GGTAGCGAAG ATCATATTAA AATCAGCCTA 3900  
 30 TTCATTGCCA TGTTACTAGC ATGCTTACTT ATTCAAGCAG CAACTAATAT GTTTAATGAA 3960  
 TACTATGATT ATAAAAAGG CCTCGATGAT CATGAATCTG TAGGCATTGG TGGTGCCATT 4020  
 GTTCGCAACG GTATGAGCCC AGAGCTTGTG CTACGATTAG CCATTGCATT TTACATCTTA 4080  
 35 GCAGCAATAT TAGGTTTGTT TTTAGCTGCT AACTCTTCAT TTTGGTTATT ACCAGTTGGA 4140  
 TTAGTATGTA TGGCTGTTGG TTACCTATAT ACAGGTGGCC CTTTCCCTAT TTCATGGACG 4200  
 40 CCTTTCGGTG AATTATTCTC AGGCGTATTT ATGGGTATGT TTATTATCGT TATTGCATTC 4260  
 TTTATTCAA CTGGCAATAT TCAAAGTTAT GTAATTTGGT TAAGTGATACC TATAGTAATC 4320  
 ACTATCGG 4328

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 280:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1450 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

	GTTCAATACA GAAAAAATAA ATTTAGATGT TGAAGCATCC TACAATTAAT ACAGATCCAT	60
	TTCAATATAT TTAAACTAAA ATCTCGGGAT TTCTAAATTT TGAAATTTTCG AGGTTTTnAT	120
5	ATTTTTATTT AAAATAGCAC ATTTATACTT TATAATAGTA AAGATGAACA TATAAGGAGG	180
	CCAAATCATG GCAAAACATC CATTGGAACA ATTTAATCTA GAATCTAGTT TAATTGACGC	240
10	TGTGAAAGAC CTTAATTTTG AAAAACCAAC TGAAATTCAG AATCGAATTA TTCCAAGAAT	300
	ACTAAAGAGA ACAAATTTAA TTGGTCAATC TCAAACGGGT ACAGGGAAAT CTCATGCATT	360
	TTTATTACCA TTAATGCAGT TAATTGATAG TGAAATAAAA GAACCACAAG CAATCGTAGT	420
15	TGCACCAACA AGAGAACTTG CACAACAAC ATACGATGCA GCGAACCATT TAAGCCAATT	480
	TAAAGCTGGT GTTTCAGTTA AAGTTTTTAT TGGTGGTACA GATATAGAGA AAGATAGACA	540
	ACGTTGTAAT GCACAACCAC AATTGATTAT AGGCACCCCT ACTAGAATTA ATGACTTAGC	600
20	TAAAACGGGA CATTTACATG TGCACCTAGC ATCATATTTA GTTATTGATG AAGCGGATCT	660
	TATGATTGAC TTAGGATTAA TTGAAGATGT AGATTACATT GCTGCAAGAT TGGAAGATAA	720
	TGCAAATATT GCGGTGTTTA GTGCTACAAT CCCACAACAG TTACAACCAT TTTTAAATAA	780
25	ATATTTAAGT CATCCAGAAT ATGTAGCTGT CGACAGTAAA AAACAAAATA AAAAGAACAT	840
	CGAATTCTAT TTAATACCTA CTAAAGGTGC AGCTAAAGTT GAAAAGACTT TAAATTTAAT	900
30	TGATATACTA AATCCATACT TATGTATTAT TTTCTGTAAT AGTAGAGATA ATGCAAATGA	960
	TTTAGCACGT TCACTAAATG AAGCTGGTAT TAAAGTTGGT ATGATTCATG GTGGCTTAAC	1020
	GCCaCGTgAA CGTAAACAAC AAATGarACG TATACGTAAT TTaGAATTCC aATACGTTAT	1080
35	TGCCaGCGAT TTAGCATCTC GTGGTATTGA TATTGAAGGT GTTAGTCrTG TCATCaATTT	1140
	TGATGTGCCA AATGATATTG ACTTCTTTAC GCATAGAGTC GGACGAACTG GTCGTGGGAA	1200
	TTATTrAGGT GTAGCAATTA CGCTTTATAG TCCTGATGAA GAACACAATA TTTCATTAAT	1260
40	AGAAGATCGC GGTTTTGTAT TCAATACTGT TGATAITAAA GATGGTGAGT TAAAAGAAGT	1320
	TAAAGCGCAC AATCAGCGTC AAGCAAGAAT GCGCAAAGAT GACCATTTAA CTAATCAAGT	1380
	GAAGAACAAA GTTCGAAGTA AAATTAAAAA CAAAGTTAAA CCAGGTTATA AGAAGAAATT	1440
45	TAAACAAGAA	1450

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 281:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1139 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 281:

5 AGTCAGGTAT ATCATGCCaT yCTGAATTGG TCGATATTAA TATCAGTGGT GTTAAAGAAC 60  
 GAATTGTATA CCAATAGACG CTTTATATTG TAAATAGTA TTAAATGCaG AATAGAGAGG 120  
 AGATTTAATG CGATATGACA AATTATAAAG TTGTCGTTTT AGATATGGAT GACACATTGC 180  
 TAAATTCAGA TAATGTGATA TCAGAAGAAA CTGCAAATTA TTAAACAGCA ATTCAAGATG 240  
 10 AAGGTTATTA TGTTGTTCTA GCATCTGGTA GACCTACTGA AGGTATGATT CCAACTGCTA 300  
 GAGATTTAAA ATTACCTGAA CATCATAGCT ATATTATTAG TTATAACGGT AGTAAAACGA 360  
 TTAACATGAC TAATGAAGAA GTAGAAGTAA GTAAATCGAT TGGTAAGCAA GATTTTCGATG 420  
 15 AAATTGTAGA TTATTGTGCA GATAGAGGCT TTTTCGTTCT TACATATCAT GATGGTCAAA 480  
 TTATTTaCGA CAGCGAACAT GAGTATATGA ATATTGAAGC AGAATTAACA GGTTTACCGA 540  
 20 TGAAACGTGT TGATGATATC AAAGCGTATA TTCAAGGCGA TGTACCCAAG GTCATGGGTG 600  
 TAGATTATGT AGCGAATATT ACAGAAGCTA GAATTGATTT GAATGGTGTG TTCAATGATA 660  
 ATGTAGATGC TACGACAAGT AAGCCATTCT TCTTAGAATT TATGGCCAAA GACGTTTCAA 720  
 25 AAGGTAATGC AATTAAAGCG TTATGTCACA AATTGGGATA TTCGGTGGAT CAAGTCATTG 780  
 CTTTTGGTGA TAGTATGAAT GATAAATCAA TGTTTGAAGT CGCAGGTCTA GCTATTGCTA 840  
 TGGGGAATGC ATCAGATGAA CTTAAGCAAT ATGCAAATGA AGTTACGTTG GATCATAATG 900  
 30 AAAATGGTAT TCCACATGCG CTCAAAAAAT TGTTATAAAT TTAAAAATAA GCCTTAACAC 960  
 ATGATATTTG AATAAGATAT CTTGTGGTTA AGGCTTTTTA TTTTGTGAA AATGACTTCA 1020  
 GTTATACTAT GGAGGATTG AAATACATAT TTTAGATTAG TAATGATATC AAACGAATAG 1080  
 35 AGTAAATGTA TATTTtTGA ATAAATCAAG TATTAAGTAG TCACGGAAGG nAGATAAAT 1139

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 282:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2931 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 282:

50 TCTAAAAATG CTGTGAAATT CTTTATAAAA TATCTAAAAG GAATTAATGT TGATAACATT 60  
 GCTGTGATAG GAAGTAAGAC AGCGCAATAT TGTGAATCAC TTGGCATTG AGTTGATTTT 120  
 AtGCCAAACG ACTTTTCTCA AGAAGGATTT TAAAATCAT TTAATCAAAC TAACCAAAAA 180

	AATGAAGTTG TTAAATAGA TTTATATACT TCAGTGCCTA ACAAACAAAA TATACAAGAT	300
	GTTAAAGAAA TGATAGAACA TCAACAAATC GATGCATTAA CATTTC AAG TTCGTCGGCA	360
5	GTACGTTATT ATTTTAATGA AGGATTGTGA CCAAATTCA AGTCGTATTT TGCTATTGGA	420
	GAACAAACAG CACGGACCAT TAAATCATAT CAACAACCAG TAACAATTGC AGAAATTCAA	480
	ACACTCGAAT CACTAATTGA AAAGATTTTA GAAAGTAGGG GCTAAAAATG AAATTTGATA	540
10	GACATAGAAG ATTGAGATCA TCAGCGACAA TGAGAGATAT GGTAGAGAG AATCATGTAA	600
	GAAAAGAAGA TTTAATATAT CCAATTTTGT TAGTTGAAAA AGACGATGTG AAAAAAGAAA	660
	TTAAGTCATT GCCAGGTGTA TACC AATCA GTTTGAATTT ACTTGAAAGT GAATTAAAAG	720
15	AAGCTTATGA CTTAGGCATA CGTGCCATTA TGT TTTTCGG TGTCCAAAC TCAAAaGATG	780
	ATATAGGTAC TGGTGCATAC ATTCACGATG GTGTTATTCA ACAGGCAACA CGTATTGCTA	840
20	AAAAAATGTA TGATGACTTA TTAATTGTTG CAGACACTTG TTTATGTGAA TATACTGATC	900
	ATGGTCATTG TGGCGTGATT GATGACCATA CACATGACGT TGACAATGAT AAATCATTGC	960
	CACTACTTGT TAAAACAGCA ATTTCTCAAG TGGAAGCTGG TGCTGATATT ATTGCGCCAA	1020
25	GTAATATGAT GGATGGTTTT GTTGCTGAAA TTCGTCGTGG ATTAGATGAA GCCGGCTATT	1080
	ACAATATTCC TATAATGAGT TATGGTGTCA AGTATGCATC AAGTTTCTTT GGACCTTTTA	1140
	GAGATGCAGC AGATT CAGCG CCATCATTG GGGATAGAAA AACGTATCAG ATGGACCCTG	1200
30	CTAACCGTTT GGAAGCACTT CGTGAATTAG AAAGTGATCT TAAAGAAGGG TGCGACATGA	1260
	TGATTGTAA ACCTGCTCTA AGTTATTTAG ATATAGTTTC AGATGTTAAA AATCATACGA	1320
	ATGTTCCAGT TGTGTCATAT AATGTGAGTG GAGAATATAG TATGACTAAA GCAGCGGCAC	1380
35	AAAATGGTTG GATAGATGAA GAACGTGTCG TTATGGAACA AATGGTTTCA ATGAAACGTG	1440
	CAGGTGCTGA TATGATTATT ACGTATTTTG CAAAGGACAT TTGTCGCTAT TTAGATAAAT	1500
40	AAGGTTTTAT ATTTATGATT TTCCATAAAC TGTAGGAGGA ATTTACTTTA TGAGATATAC	1560
	GAAATCAGAA GAAGCAATGa AGGTTGCTGA AACTTTAATG CCTGGTGGTG TAAATAGTCC	1620
	AGTACGCGCA TTAAATCAG TAGATACACC AGCAATTTTT ATGGATCACG GTAAAGGTTT	1680
45	AAAAATTTAT GATATCGATG GTAACGAGTA TATCGACTAT GTACTAAGTT GGGGACCACT	1740
	TATTTTAGGA CATAGAGACC CTCAAGTTAT TAGTCATTTA CATGAAGCAA TTGATAAAGG	1800
	TACAAGTTTT GGTGCATCAA CATTACTTGA AAATAAATTG GCGCagTCG TTATTGACCG	1860
50	AGTACCTTCA ATAGAAAAAG TCGTATGGT GTCATCTGGT ACAGAAGCTA CATTGGATAC	1920
	TTTAAGATTA GCACGTGGTT ATACTGGCAG AAATAAAATT GTGAAATTTG AAGGTTGCTA	1980

55

GCCGGATTCT CCTGGTGTGC CTGAAGGTAT TGCTAAAAAT ACAATTACAG TTCCATACAA 2100  
 TGATTTAGAT GCACTTAAAA TCGCTTTCGA AAAATTTGGa AACGATATTG CTGGTGTAAT 2160  
 5 CGTAGAACCT GTTGCTGGTA ATATGGGTGT CGTACCGCCG ATTGAAGGTT TTTTACAGGG 2220  
 ATTAAGAGAT ATTACGACTG AATACGGCGC ATTGCTAATT TTCGATGAAG TAATGACTGG 2280  
 10 TTTGAGAGTC GGTATCATT GTGCACAAGG TTTCTTTGGT GTGACACCAG ATTTAACTTG 2340  
 CTTAGGAAAA GTTATCGGTG GAGGACTACC TGTAGGTGCA TTTGGTGGTA AAAAAGAAAT 2400  
 CATGGATCAT ATAGCACCAT TAGGAAATAT TTATCAAGCG GGTACGTTAT CAGGAAATCC 2460  
 15 TCTTGCAATG ACAAGTGGTT ATGAAACGTT AAGCCAATTA ACGCCAGAGA CATATGAGTA 2520  
 TTTTAATATG TTAGGCGATA TACTTGAAGA CGGTTTAAAA CGTGTATTTG CTAAACACAA 2580  
 TGTACCAATA ACTGTAAATA GAGCAGGTTT AATGATTGGT TATTTCTTAA ATGAAGGACC 2640  
 20 TGTAATAAT TTTGAACAAG CGAATAAAAG TGATTTGAAA TTATTTGCAG AAATGTATCG 2700  
 AGAAATGGCA AAAGAAGGTG TGTTTTACC ACCATCTCAA TTTGAAGGTA CATTCTTATC 2760  
 TACGGCACAC ACGAAAGAAG ATATTGAAAA AACGATTCAA GCATTTGATA CGGCTTTAAG 2820  
 25 TCGTATTGTA AAATAAATAT ACGGACAAAT TGAGAGCCTG AACTTTGTTC AGGCTChTTT 2880  
 TAAATGTATA TAAGGCATGG GCGGCGACTT GATAGTGAAA GTCCACTACT A 2931

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 283:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1421 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 283:

40 AATTATGAAT GCATTACCAG TATTATTACA AAAGAACAAT TAAAAATGTT TGTTTATGAT 60  
 TATGATACGC ATCTCATTAA AAATGTAAaTG GTTGACAGCAG ACGTGTTAAA GGCAAATGAT 120  
 ATTCAAGGAC ATGAACCATT AATCGTTAAC CTTCAAACGA TTGATGAAAC ATTACATCGT 180  
 45 TTACCTATGC ATAATAGAAA AGACATGATG GTTAATGGCG GTGTACTTAT GGCACATTTA 240  
 AATGCCAAAA GTGGTCCGTG GTTAAAAGAT GTGCTAAGAC AAATTGAGAT AGCGATTGTA 300  
 50 ACAGGTAAAG TAAGCAACGA AGAAACTGAA ATTTTGAAAT GGGTGGATAA TCATGTCAAA 360  
 ATATAGTCAA GATGTACTTC AATTACTCTA TAAAAATAAA CCGAATTATA TATCTGGACA 420  
 AAGCATTGCG GAATCACTTA ATATTTACG CACTGCAGTA AAAAACTGA TTGACCAATT 480

CCCAGATATT TGGTATCAAG GTATAATAGA CCAATATACA AAAAGTTCTG CTTTGTTTGA 600  
 TTTTAGTGAA GTATACGATT CAATAGATTC TACACAACCTT GCTGCGAAAA AGTCACTTGT 660  
 5 TGGAAATCAA TCTTCATTTT TTATCTTGAG TGATGAACAA ACGAAAGGTC GTGGGCGATT 720  
 TAATAGACAT TGGAGTTCTT CAAAAGGGCA AGGACTTTGG ATGTCTGTCG TGTTAAGACC 780  
 10 TAACGTTGCA TTCTCAATGA TATCTAAATT TAATTTATTT ATTGCATTAG GGATAAGAGA 840  
 TGCGATTCAA CATTTTAGTC AAGATGAAGT CAAAGTGAAA TGGCCGAATG ATATATTTAT 900  
 TGATAATGGT AAAGTGTGTG GTTTCTTAAC TGAAATGGTT GCTAATAATG ATGGTATAGA 960  
 15 AGCAATAATA TGTGGTATAG GTATTAATTT GACGCAACAA CTAGAAACT TTGATGAAAG 1020  
 TATTAGACAT AGAGCAACAA GTATACAATT ACATGATAAA AATAAATTAG ATAGATATCA 1080  
 ATTTTLAGAG ATATTACTTC AAGAAATTGA AAAAAGATAT AATCAATTTT TAACGTTACC 1140  
 20 TTTTCTGAA ATTCGTGAAG AATATACTGC AGCTTCTAAT ATTTGGAATA GAACGTTGCT 1200  
 ATTTACAGAA AATGATAAAC AGTTTAAAG ACAAGCAATT GATTTAGATT ACGATGGCTA 1260  
 TCTAATTGTT AGAGATGAAG CGGGTGAATC ACACCGTTTA ATTAGTGCAG ATATAGATTT 1320  
 25 TTAACACTAA AGCAAGGAGA GATAGCTATG GGTATGGCAA CCTATGCCGT TGTGGATTTG 1380  
 GAAACAACAG GCAACCAATT AGATTTTGAC GATATCATT C A 1421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 284:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2202 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 284:

CCAAGTTGCC TAAAATGATT AAGCAAGGTT TATACCCTAT GCnAACGATT GAACAAGAAT 60  
 CTGGAGCCAT CCGACTGCCA ACGATTTCTA GAGTGAnGCG TTCATTACAA TGGGGTAATG 120  
 45 ATGCTTATAC AATGATTTTA GATCGTATGA ATATTGAAAC AAATGAATAA TAAATGAACG 180  
 ATAAACAATG GTTATCTATC TGCACTAATA AGGTAGATAA TCATTGTTTT TTCACGAAAA 240  
 AATTTACAGA GTAAAAGAAC TTAAATTTCA TATTAAGTCT TTAGAACTCG ACACTTAAAA 300  
 50 ATGCTATAAT CATATGTATG TTAAAAAAGG AGTTTCGGAA AATGTATGAC ATTAAAAAAT 360  
 GGCGCCATAT TTTTAAATTA GACCCAGCTA AACATATTTT AGATGATGAT TTAGATGCGA 420  
 TTTGTATGTC TCAAACAGAT GCAATTATGA TTGGTGGAaC TGATGACGTT ACTGAAGATA 480



CAAACATCGA AAGTGTAAATG CCTGGTTTTG ATTtTTATTT TGTACCTACA GTACTGAACA 600  
 GTACAGATGT TGTATTTTAC AATGGTACAT TATTAGAAGC GCTTAAAACA TATGGACATA 660  
 8 GTATAGATTT TGAGGAAGTA ATATTTGAAG GGTATGTCGT GTGCAATGCT GATAGCAAAG 720  
 TGGCAAAACA TACCAAAGCA AATACAGATT TAACAACAGA AGATTTAGAA GCATATGCCC 780  
 10 AAATGGTCAA TCATATGTAT CGATTACCGG TTATGTATAT AGAGTATAGT GGCATTTATG 840  
 GCGACGTATC AAAGGTTCAA GCTGTCTCAG AACATCTAAC AGAAACGCAA CTTTTTTATG 900  
 GTGGCGGTAT TTCCTCAGAA CAACAAGCGA CAGAGATGGC AGCTATTGCA GATACAATTA 960  
 15 TCGTCGGTGA TATTATTTAT AAAGATATTA AAAAAGCTTT AAAACAGTA AAAATAAAGG 1020  
 AGTCTAGTAA ATGAATGCGT TATTAAATCA TATGAATACA GAGCAAAGTG AAGCTGTAAA 1080  
 GACAACAGAA GGACCATTGT TAATTATGGC AGGTGCTGGT TCAGGGAAGA CACGTGTTTT 1140  
 20 AACACATAGA ATTGCTTATT TATTAGACGA AAAAGATGTC TCACCATACA ATGTTTTGGC 1200  
 TATTACTTTT ACAAATAAAG CTGCAAGAGA AATGAAAGAA CGTGTTCAA AATTAGTAGG 1260  
 TGATCAAGCA GAAGTTATTT GGATGTCAAC ATTCCACTCA ATGTGTGTTT GTATTTTACG 1320  
 25 TCGTGATGCA GATCGAATTG GTATAGAACG CAATTTTACG ATAATTGATC CTACAGACCA 1380  
 AAAATCTGTT ATTAAAGACG TCTTAAAAA TGAAATATT GATAGTAAA AGTTTGAACC 1440  
 30 TCGTATGTTT ATCGGTGCGA TCAGTAATTT GAAAAATGAA CTTAAACAC CTGCAGATGC 1500  
 TCAAAAAGAA GCCACAGATT aTCACTCgca AwTGGTaGCA ACgGTTTaTA GTgGATATCA 1560  
 ACGCCAATTG TCACGTAATG AAGCGTTAGA TTTTGATGAC CTTATTATGA CAACGATTAA 1620  
 35 CTTATTTGAG CGTGTAACAG AAGTTCTAGA ATATTATCAG AACAAATTCC AATATATTCA 1680  
 TGTAGATGAG TATCAAGATA CTAATAAAGC ACAATACACA TTAGTTAAAT TATTAGCAAG 1740  
 TAAGTTTAAA AACTTATGTG TTGTAGGTGA CTCAGATCAG TCAATTTATG GTTGGCGTGG 1800  
 40 TGCTGATATT CAAAATATCT TATCATTTGA AAAAGACTAT CCAGAAGCGA ATACAATCTT 1860  
 TTTAGAGCAA AATTATCGTT CGACGAAAAC GATTTTAAAT GCGGCTAACG AAGTGTTTAA 1920  
 45 AAATAATTCT GAACGTAAGC CAAAAGGACT GTGGACTGCA AATACGAATG GTGAGAAAAT 1980  
 TCATTACTAT GAAGCAATGA CGGAACtGAT GAAGCGGAAT TTGTAATACG AGAAATTATG 2040  
 AAGCATCAAC GTAATGGTAA GAAATATCAA GATATGGCAA TTTTATATAG AACGAATGCA 2100  
 50 CAATCACGTG TACTTGAGGA AACATTCATG AAATCTAATA TGCCATACAC AATGGTTGGT 2160  
 GGCCAAAAGT TCTATGACCG TAAAGnAATC CAAAGATTTA TT 2202

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 285:

55

(A) LENGTH: 785 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 285:

```

10 AGTGGTGCAA AGATAGGCAT TGATaATACC GCTAAGCCAG CAAGATGATG GCACGATAAA      60
   ACCTAAACAG AAGAaATAA ATAGTAATAC GATGATAAAT AATGGTCCAC TCATATGTTG      120
   AACTAAAGAT GATGAAAAGT GTAAGATTGT ATCTGAAATC ATACCTTCAT TCAACACTAA      180
15 ATTAATACCT CGAGCTAAAC CAATAATTAA AGATACACCT ACTAAACTTG ATGCACCATT      240
   GACAAATGCA TCTACAGTTC CTTTTTCTCC CAATCCAGAT TTACCTGTCC CAGCAATAAA      300
   CATTATTATA ATTGTAAATA TTA AAAATGC TGAAGCCATA ACTGGGAACC ACCAACCTTG      360
20 CGTCATAACT CCCCATACCA TAATTGGAAA TGGTAGTACA AATAATGTAA GGATTATCTT      420
   CTTACGCAA GTAAATGGG CACTATCGTC ATCTTTTAAT ACAGACCATT GCTGTTCAAA      480
   AGCATCTTTG TCTTCATAAG AATATGACGC TTTAGGATCG TTTTAAATTT TTTTACAGTA      540
25 CCAATATAAA TAACTAATAA CAAAATCGC ACCGACAATA CAAGCACCTA TTCTCCAATA      600
   CAAGCCATCC GTAAAAGTTG TACCAGCGGC ATTAGAGGCA ATTACAACCG AGAACGGGTT      660
   AATAGTTGAA AATGTACTAC CGACAGAGCT GGcAAGGAAT ATGGCACCAA CTGGAAACGA      720
30 TAGAATCGTA TCCTAACGCT AATAAATATA GGGACTAAAA TCGGATAAAA TGCTACAGCT      780
   TCTTC
   TCTTC
35

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 286:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 812 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 286:

45

50

55

```

CTAACGnGAT AAGGTTGCAA nTTTATCTGA ACATCTGATG ACTGTAATTT TGTaATGAT      60
   AAAATATTTG TCACTAATAG ATATAAATAC TGACTTTCTT GAAAACTATG TACAAGTAAT      120
   TGTTCCTTTT CTATGATAGA CATATCTTTA CTATGTGATA CTAAAATATC TAAATkTCCC      180
   ATAATTGTTG TTAACGGTGT ACGTATGTCA TGCgAAATTG ATCTTAAAAA ATTTGAATGT      240
   GTCAGTTGAC GTTCAGCCTG TAACATGGAT TCTCTCGTTT GTTTAAGTAA CGTCACATTT      300

```

	ATCACTTGAG AACTTTGGTA ATCAATGGCT AGAATGCCTT TAATCGGAGA TGTGCCAATT	420
	GGTATCAACC ATTTATTAAT GCCTGGAAAT GTATCTGTTG TTGCACCAGC TTGTCTTTCA	480
5	TTTTTAATTA CCCAGCTTAA TGCTTGTTCA TGCTGTTGAG TCGTATTATC GATATGGTTT	540
	TGCAATGGTA TTGTTTTAAT TACTTTCGAT TGATTGATAA CGTATATAGT AATTGATTGT	600
	TGCAATAATT GATTAATTTG GTATCCAGCA TTTATTAGTA AGTTTTCAAC TGTATAAGTT	660
10	TGTTTAATCG AATCATTAAA TTGAAATAAT AAATCTGTAC GATAAAGTTG CTTTTTAGTA	720
	ATGGaGTAWT GGAATTTAAT TTGTnTTAAT AAAGCACTCG TTAAATACT TGTnAAAATG	780
15	CTAACGATAA ATGTAATAGG ATAGTCAAAG CG	812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 287:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1732 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 287:

	ATnnATTATT ATTACTGCTA TTTTAAATTT TAAAAAATGC TTTTGATTAT ATTCAACanT	60
	TTGTATAAAA TTAAATTTGC TTTTGATTAA AGCATGAAAA TTGTAATCAA ACCATAAATT	120
30	GTCGTATGAT GTAGTTAGAA TTTTAAAATG CAGGAGGTCa AGTATATGAC TGAAATaACA	180
	TTCAAAGGTG GACCAATCCA CTTAAAAGGT CAACAAATTA ATGAAGGTGA TTTTGCACCT	240
35	GATTTTACAG TGTTAGATAA TGACTTAAAT CAAGTAACAT TAGCAGATTA TGCTGGTAAA	300
	AAGAAATTAA TTAgtTGTGGT ACCATCAATT GATACAGGTG TTTGTGATCA GCAGACTCGC	360
	AAATtCAACT CTGATGCTTC TAAAGAAGAG GGGATTGTGC TTACAATTTT AGCAGACTTA	420
40	CCATTCGCAC AAAAAAGATG GTGCGCTTCA GCAGGTTTAG ACAATGTCAT TACATTAAGT	480
	GACCACCGTG ACTTATCATT TGGTGAAAAC TATGGCGTTG TTATGGAAGA ACTTCGCTTA	540
	TTAGCTCGTG CAGTATTTGT ATTAGATGCA GATAATAAAG TTGTTTATAA AGAAATCGTT	600
45	AGTGAAGGTA CTGATTTCCC AGATTTTGAT GCTGCTTTAG CTGCATACAA AAATATTTAA	660
	TCATTAAAGA GATAAATCTT AAAATGTATA CATCGTGTCC ATCGTTGTCA ACAGCATTAA	720
50	AATAGAATTG TTTTCTATGA TTGCTAAGAC CTATGGGCAC TTTTATTGG AGAGGGACGA	780
	ATATGGCAGA ACAACAAACA ATTATGGAAC GCTTGTTTCA TACATTAGAT GAAAAAGCTA	840
	AAACATTAAA TAATGAAAAT GGCCaAAGTT TTATTGAAAA TCTTGGGCTA GCAATGGAAC	900

CATTCCAATT TGCATATTTA AGTTTAATGC aGGAAGAAAA GATAcAAGCA AATCATCAAA 1020  
 TTACACCAGA TTCAATTGGA TTGATACTAG GATTTTTAGT TGAGCGTTTT ATGAACAACC 1080  
 5 AAGAAGAATT ACATATTGTT GATATTGCAA GTGGTGCCGG TCATTTAAGT GCTACTGTAA 1140  
 AAGAAGTGTT ACCTGraAtT GcGGTTATGc ATcATTTaAT TGaAGTTGAt CCAGTTTtAT 1200  
 CACGTGTTAG TGTACATTTA GCAAACtTCT TAGAAATTCC TTTCGATGTG TATCCTCAAG 1260  
 10 ATGCCATCAT GCCACTACCA TTAGAAGAAG CAGATATCGT TATTGGTGAT TTTCCAGTAG 1320  
 GCTATTATCC AATTGATGAA AGAAGTAAGG AGTTTAAGCT AGGTTTTGAA GAAGGACATA 1380  
 GTTATTCA CA TTATTTATTA ATAGAACAAG CAATAAATGC ATTAAAAGAT GCTGGATATG 1440  
 15 CCTTCTAGT GGTACCAAGT AATATTTTTA CAGGTGAACA TGTA AACAG CTTGAAAAAT 1500  
 ATATTGCAAC AGAGACAGAG ATGCAAGCAT TTTTAAATTT ACCACCAACT TTATTTAAAA 1560  
 20 ATGAAAAAGC GCGAAAATCT ATATTAATTT TACAAAAGAA AAAATCGGGT GaAACAAAGC 1620  
 CAGTTGAAGT ATTATTGGCA AATATTCCTg ATTTcAAAA TTCCTTCACC AATTTCCAAG 1680  
 GATTTATGGA CAGAGTTAAA ATCCAGTGGG ATGGGACCAC CAAATCGTCC TA 1732

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 288:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2779 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 288:

AAAAGAACTA GCTAAACGCA AGCAAGAAGC TATTAGTAGA ATTAAAGACT TTTCAAATGA 60  
 AAAAATAAAT AGTATTCGAA ATAGTGAAAT TGGCACAGCT GATGAAAAAC AAGCAGCAAT 120  
 40 GAATCAAATT AACGAAATTG TGCTTGAAAC AATTAGAGAT ATTAATAATG CGCATACATT 180  
 ACAGCAAGTT GAGGCTGCAT TGAACAATGG TATTGCTCGA ATTTCAGCAG TACAAATTGT 240  
 AACATCTGAT CGTGCTAAAC AATCGTCAAG TACTGGAAAT GAATCTAATA GCCATTTAAC 300  
 45 AATTGGTTAT GGAAC TGCAA ATCATCCATT TAACAGTTCG ACTATTGGAC ATAAAAAGAA 360  
 ACTTGATGAA GATGATGACA TTGATCCACT TCATATGCGT CACTTTAGTA ATAATTTCTG 420  
 TAATGTTATT AAAACGCTA TTGGTGTGGT GGGTATCTCT GGTTTACTAG CTAGTTTCTG 480  
 50 GTTCTTCATT GCCAAACGTC GTCGTAAAGA AGATGAAGAG GAAGAATTAG AAATAAGAGA 540  
 TAATAATAAA GATTCAATAA AAGAGACTTT AGACGATACA AAACATTTAC CACTTTTATT 600

## EP 0 786 519 A2

	AAATAATGGC GAGTCACTCG ATAAAGTTAA ACATACGCCG TTCTTCTTAC CAAAACGTCG	720
	TCGTAAAGAA GATGAAGAAG ATGTGGAAGT TACAAATGAA AACACAGATG AAAAAGTGTT	780
5	GAAAGATAAC GAACATTAC CACTCTTATT CGCAAAACGA CGCAAAGATA AAGAGGAAGA	840
	TGTTGAAACA ACAACTAGTA TTGAATCTAA AGATGAGGAC GTTCCTTTAT TATTGGCTAA	900
	AAAGAAAAAT CAAAAAGATA ACCAATCCAA AGACAAAAAG TCAGCATCAA AAAATACTTC	960
10	TAAAAAGGTA GCAGCTAAAA AGAAGAAAAA GAAAGCTAAG AAAAATAAAA AATAATTTGT	1020
	TTCTTTGATA AATAGaGGAG CACCGATTGA CATCACATCA GTCGGTGCTC CTTTTATTTA	1080
	TTCTTTTTTAA TTAATTTATA CAATGCCTGT TGAGCGTGTT GATTGCTTC TTTGTTTTGT	1140
15	TCTCTCGGTA TCCATTTAAC AAATAATAAA TCAAAATCTT TTTCAAATAT TTCTATTTGA	1200
	TCAAAATAAG GTTTGAAATT TCGTTTTTTC ACATAACCAG CTTCAATGCT ATCTGCAATT	1260
20	AGCTTTGAGT CTGTATATAA TAGTGC GTTT TGAACATTTA ATTACGTGC ATGTTCTAGT	1320
	GCATAAATAC ATGCAGCCCA TTCTGCAGTG TGGTTATCCA TTTCGCCTAA CTCATGTGTA	1380
	TATGTATAAT GCTGCTCATC TTCTTTGATT ACAATGGCAC ATGTACTTAT GCCTGGATTT	1440
25	cCTTTCGTCG CAGCATCAAA ATTTATTTTC GCCATAATAA ACCTACTTTC TATTCAATAC	1500
	TTAGTTAAAG TTAATATTAC TGTAATACAA AATATGTTGG GTAATCCATT AAAAAACACG	1560
	CATCACTTAA ATAAGTAACA CGTGTTTAAA ATACTCGCTG ATTCAAAGAT GATTTTCTAA	1620
30	TACGTaTACT GTaATATACT TCCTAAAAAA ATCATCTTCA GGCTGGGACA TAAATCAATG	1680
	TTCTATGCTC TACGATGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGA ACGAAAATGC GCTTGTAACA	1740
	AGCTTTTTTTC AATTCTAGTC AGGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTGAAAAG AAATTCTACA	1800
35	GGCAATGCGA GTTGGGGTGT GGGTCCCAAC ACAGAAGATG ACGAAAAGTC AGCTTACAAT	1860
	AATG <sup>5</sup> TGCaAG TTTGGGATGG GCCCAACAA AGAGAAATTG GATTCCCAAT TTCTACAGAC	1920
40	AATG <sup>5</sup> CAAGTT GGGGTGGGAC GACGAAATAA ATTTTGCgAA AATATTATTT CTGTCCCACT	1980
	CCCTTAAaAC TTATTCTTTT GTGTAGTAAG TGCgTTAATA GCCTTGATCT AACTTATCAA	2040
	TCTTACCTTT ACGATAAAAT GATTTAGCAA TATATCCAAA TGGTACATTG AAAACTGTTG	2100
45	AAGCTAATTT TAATACGTAC GTTGTAATAA ATATTTCaAa TACAa <sup>m</sup> TGTa CCAGGTAAAC	2160
	TTCCGATAAA TGCATAGCT ACAAATAAAG CTGTATCAAT TATTG <sup>r</sup> GCTT AAAAATGTAC	2220
	TACCATATG <sup>g</sup> CACGGATGAA AAACGTTTTa Tc <sup>m</sup> GaACTAA ATACTTTTTT AATTAGTGAA	2280
50	AAGATAAATA CATCAATATG TTGACCAATA ATATATGCGA CGATTGAGCC TAAAGCAATG	2340
	CGTGGCACAA CATCAAAGAT TCGGTGTAAT GCTTTTTGTG CCATATCTTC TGGTGCAGGA	2400

55

EP 0 786 519 A2

	CAAACCTGCTC TTTTGTCAAC TCTACGCCCA TAAATATCGT TTAATATATC TGTTGCTAAA	2520
	TAAATAGAAG CAAACATGAC ATTACCTAAA GTTGCTGAAA TACCAAAGAT TTCTACAGTT	2580
5	TTAATCACTT GTATGTTGGC AATGATTGTG CCAATTGCAA CCCATGCAAT TAAACCTTGT	2640
	TTACCAAAAA AGCGATACAT AAGTACCATA AGCACGAACG TTGCAATAAA CGTAACTAGT	2700
	CCTAAAATTT CATTATACAT ATTAAAATGT CCTCCTAAAT TTTGATCATG CGGGTGTTTA	2760
10	GAAACCGCTC AATAAATAA	2779

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 289:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1999 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 289:

	ACTGATGTGC GTTCATCAAA AACAAATATAA TCAAATTCAT TTTCATCAAA TTGCTTAAAA	60
25	TTATCATCTC TAGATAATGT TTGAATGGTT GCAAATAAAT ATTTGGCATC GACATCTCTA	120
	TGTTTTCTCG TCAACAATCC AAAATCACTA TCATTTTTTA TAGGTAATAC TTTTTTAAAT	180
	TCTTCCTTAG CTCTATTTAA AATCCCCTCA TTATGAACAA TAAATAAAAA TTTATTAGGG	240
30	TTTACTTCTC TAACATCTAA TGCACATAAA ATCGTTTTAC CTGTACCAGT TGCAGATATT	300
	ATTAACGCCT TATCTTTGGC TTTATCCCTA ATAGCTTTTA ATGACCTTAA TGCTTCTGCT	360
35	TGCATTAAAT TGGGTACAAT TTCCACTGAT TTTTTCACCT TATCAGCTAG CAGCATTTGA	420
	GTTTGTTCAA CCTCCGCTAA TTTTCTAAG GAACGGTACT CAAATGATTC TTTATATGAA	480
	TTAATCCATT GCTCAGTCAG TGGGGTACTC TTTTGCCATA ACAAGTCAAA TTCACTTTTT	540
40	ACACTATCAA CTAAATCGCC ATTTTTCATA GTAGACAGTA AAACATTATG CTCATAATTA	600
	ACCTTTAACG CATTAGATGT TAAATTAGAG CTTCTATTTA CCATAGAACT ATAATCCTTA	660
	TGCTCAAAAA TATATCCTTT GGCAATGGAAT CCAGCAATAT CAGTTAATCT TACCTCTACA	720
45	TTTTTTAATT TAAGTAATTC TCCATACATT TTAGGACTAT TAAACCCTAA GTAATTAGAT	780
	GTTAATATTT TCCCTTTAAC ACCCTTATTG CTTAAATCTA ATAGTTGAGC CTTTAAGCTG	840
	GcTAAACCGC TTTCTGTTAT AAAAGCCACA GAAAAATAAA ACGTTTCACA TTTTGAAGT	900
50	TCATCTATAA TTGTTGAAAG AACTTTTTCA TTTTATTAT TTAATAAAAG CTTCCGGTGTA	960
	TAATTCCTT TATGAGAAAT ATGTTTGTCT ATAAACCCTT TATGTAAAGA TTGATTGAAA	1020

CGCTGGGGCC CAAATTAATT TATCAAGTTC GTTTATTGAC AACCATTCAA TACTCTTATG 1140  
 TTCAGTTAGA GTTGGTAACT CTTTGTTTAA AGTACATTTG TATGTTGTTA ACCTAACAAT 1200  
 5 TCCAAAATCA TATTCATGTT CTGTAGTTAT AACTTTGTCT CCAACAATTA AATCACATTT 1260  
 CATTTCTTCT CTAATTTCTC TAATCAAAGC GTCTTTTTCa GTTTCATTCT TTTCAACCTT 1320  
 ACnGCCAGGA AATTCCCACA TTAAAGGCAG ACTCATTTTT TCACCTTCTCT GTGCACAAAG 1380  
 10 AATTTTGTGA TCAGAAAAAA TAATAGCTCC TACTACATTG ATTACTTTTT TCATAAGACT 1440  
 CACCCTTCAA TTTAAAATCA TCTTAATTGT TATTCTATCA AAAATTACAA AACTATATAT 1500  
 15 AAATCAATAT TAAAAATTAA TATTTTACAT TCACATGAAC GCTCTACTCC ATGCATTTTC 1560  
 ATACACATCT ATTATATAAT ACTTGTGAAA AGTATTGTCT TGGGGCTGTG TTTTTTACT 1620  
 TTTGGGGCGT ATTTCTTTAT AATTCATTAC ATAAATGTAA GGGCTTTAGT TTTCATGTTT 1680  
 20 TATTAAGTCT AACTGAGATT TTGAAAGGAT GTTTAGCAAC AATGGATAAA GAATTATGGA 1740  
 TAGAACGAGc TAATGATAGT TTAGTTAAAC ATTTTTATGa GCAGCAATCT GACATTGAAC 1800  
 AGCGAGAAGG TTTTGAAAGT AAATTAACAT TTGGTACTGC GGGTATACGC GGAAAATTCG 1860  
 25 GTCTTGGTGA AGGTCGACTT AATAAGTTTA CTATTGAAAA ATTGGCATTa GGTTTAGCGC 1920  
 GTTATTTAAA TGCCCAAACA AACAGTCCAA CAATAGTCAT TCATTATGAT ATTAGACATC 1980  
 TTTCCAACTG AATTCGCCC 1999

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 290:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1933 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 290:

GATGACTTTT CCCCTCATA ATCTTCATGG TCCAGGCGTC CATTAAATGCG TCAAAGGATG 60  
 GCACATTTTA CCTGGAACAA ATGATTCATA TGGTTCATAA AAATCACGCG TCGTAATATA 120  
 45 ATCTTCTAAA TCAAATGCAT AGAAAATCAT TGGCTTTTTA AATACTGCAT ATTCATATAT 180  
 TAAAGATGAA TAGTCACTAA TTAATAAATC TGTTATGAAC AGTATATCAT TAACTTCTCT 240  
 AAAGTCAGAA ACGTCAACAA AATATTGTTT ATGTTTGTCT GCAATATTAA GTCTATTTTT 300  
 50 CACAAATGGA TGCATTTTAA ATAATACAAC CGCGTTATTT TTTTCGCAAT ATCTTGCTAA 360  
 ACGTTCAAAA TCAATTTTGA AAAATGGGTA ATGTGCTGTA CCATGACCAC TACCTCTAAA 420

EP 0 786 519 A2

	TTGTTTGATC TGTGTCGCAT AAGCTTCATC AAATAGTACA TCAGTACGTG GAACACCTGT	540
	AGGCACTACA TTTTCTCTT TAATACCAAA TGCTTCAGCG TAGAATGGAA TATCGGTTTC	600
5	AGATGATACA TAAGCTTTTG TATAGCTACG ATGATTTAAT GAATCAATAA ATGGTCCACC	660
	CTTTTACCA GTACGACTAA AGCCAACTGT TTTAAAGGCA CCAACGGCAT GCCATACTTG	720
	AATAACTTCT TGAGAACGTC TAAACGCAC TGTATAAATC AATGGGTGAA AGTCATCAAC	780
10	AAAGATGTAG TCTGCCTTCC CAAGTAAATA TGGCAATCTA AACTTGTCGA TGATGCCACG	840
	TCTATCTGTA ATATTGCTT TAAAAACAGT GTGAATATCA TACTTTTTAT CTAAATTTTG	900
15	ACGTAACATT TCGTTATAGA TGTATTCAAA GTTCCAGAC ATCGTTGGTC TAGAGTCTGA	960
	TGTGAACAAC ACCGTATTCC CTTTTTCAA GTGGAAAAAT TTCGTCGTAT TAAATATCGC	1020
	TTTAAAAATA AATTGTCTTG TATTAAATGA TTGTTTGGCG AAATACTTAC GTAATTCTTT	1080
20	ATATTTACGA ACGATATAAA TACTTTTAAC TTCCGGAGTC GTTACAACAA CATCAAGGAC	1140
	AAATTCATTA ACATCGCTAG AAATTTCAGG TGTAACAGTA TAAACCGTTT TCTTCGAAAT	1200
	GCCGCCTTTT CTAAATTCTT TTAGGTAAGT CTGCAATAAG AAATTGATTT TACCATTTTG	1260
25	TGTTTCTAAT TCGTTGTATT CTCTCTCTTG TTCTGGCTTT AGATTTTGAT ATGCATCATT	1320
	AATCACATCT GGGTTTAACT GTGCAATATA ATCAAGTTCT TGCTCATTCA CTAATAAGTA	1380
	CTTATCTTCA GGTAAGTAAT AACCATTATC TAAGATAGCT ACATTGAAAC GACAAACGAA	1440
30	TTGATTCCCA TCTATTTTGA CATCATTCGC CTTCAATTGTA CGTGTCTCAG TTAAATTTCT	1500
	TAATACAAAA TTACTATCTT CTAAATCTAG GTTTTCACTA TGTCCTTCAA CGAATAACTG	1560
35	AACACGTTCC CAATAGATTT TATCTATATA TATCTTACTT TTAACCAACG TTAATTCATC	1620
	CTTTTCTATT TACATAATCC ATTTTAATAC TGTTTTACCC CAAGATGTAG ACAGGTCTGC	1680
	TTCAAAGCT TCTGTAAGAT CATTAAATTGT TGCAATTTC AATTCTTGAC CTTTAAACAA	1740
40	CGCTAATTTA nCTACAATAT CTGGGTATTG AATGTATAAG TCTACAACAT CTTGGAAATC	1800
	TTTTGAACCA CTTCGACTAC TACCAATCAA CGTTAGTCCT TTTTCCAATA CTAGACGTGT	1860
	ATTAACTTCT ACTGGGAACT CACTTACACC TAACAGTnCA ATGCTTCCTT CTGGTGAAAT	1920
45	GTAATCGATC ATT	1933

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 291:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2049 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear



## EP 0 786 519 A2

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 291:

	nGThCGGnCA GATATATTGG TGGTCTTTAG TAAGTGTATC AAATTCATCA GATGTCAAGG	60
5	GCATGTTATC ACCTCCTTAG GTTGATAACA aCATTATACa CGaAAGGAGC ATAAaCAaAT	120
	GAACACaAGa TCAGAAGGAT TGCCTATAGG CGTCCCACAA GTTTCTAGCA AAGCTGATGC	180
	TTCTTCATCC TATTTAACGG AAAAGGAACG TAACTTAGGA GCGGAAATAT TAGAACTTAT	240
10	TAAAAAAAGT GATTACAGCT ACTTAGAAAT AAACAAAGTT TTCTATGCAT TAGATAGAGA	300
	ACTTCAATAC AGGGCGAATA ATAACAACT TTAaCATTa TCTAAAGGAG TGATAGAGAT	360
15	GCCAAAAATC ATAATACCAC CAACACCAGA AAACACATAT CGAGGCGAAG AAAAATTGT	420
	GAAAAAGTTA TACGCAACAC CTACACAAAT CCATCAATTG TTTGGAGTAT GTAGAAGTAC	480
	AGTATACAAC TGGTTGAAAT ATTACCGTGA AGATAATTTA GGTGTAGAAA ATTTATACAT	540
20	TGATTATTCA GCAACGGGAA CATTGATTAA TATTTCTAAA TTAGAAGAGT ATTTGATCAG	600
	AAAGCATAAA AAATGGTATT AGGAGGATTA TCAATGAGC GACACATATA AAAGCTACCT	660
	ATTAGCAGTG TTGTGCTTCA CGGTCTTAGC GATTGTACTC ATGCCATTGC TGTACTTCAC	720
25	TACAGCATGG TCAATTGCAG GATTGCGAAG TATAGTGACA TTCATATTTT ATAAGGAATA	780
	CTTTTATGAA GAATAAAAAA ACTGCTACTT GTTGGAGCAA GTAACAGTGC AAGATGAGCA	840
	ATTGTCTTAA ATAATTATAT AAGGAGTTAT TAATATGACC TTACAACAAA AAATACTATC	900
30	ACATTTTGCA ACATATGACA ATTTCAATTC TGATGATGTT GTTGAAACTT TTGGGATATC	960
	TAAACACAT GCAAAATCCA CACTTTCAAA ACTTAAGAAA AAAGGAAAGA TTGCAATGGA	1020
35	AAGTTGGGGT GTCTGGCGTG TTATTGAATC GCAATTGCAT TTAAGTGTAG TCGAACGTAA	1080
	AAAAGAAATT TTAGAAGAAC AATTTGAATT GTTAGCAAGA TTAAATGAAC AAAGTGATGA	1140
	CCCTAGAGAA ATAGAAGAAC GTATCAAGTT AATGATTCGT CTAGCTAACC AATTTTAAGG	1200
40	AGGAGTTAAT CAATGGCAGT ATTAGAAGGT ATTTTGAAG AATTAAAACT ATTAAATAAG	1260
	AACTTACGTG TGTTAAACAC TGAACATCA ACTGTAGATT CATCAATTGT ACAAGAGAAA	1320
	GTTAAAGAAG CACCAATGCC AAAAGAAGAA ACAGCTCAAC TGGAATCAAT TGAAGAAGTT	1380
45	AAGGAACTT CTGCTGATTT GACTAAAGAT TATGTTTTAT CAGTAGGAAA AGAGTTCCTT	1440
	AAAAAAGCAG ACACTTCTGA TAAGAAAGAA TTTAGAAATA AACTTAACGA ACTTGGTGCG	1500
	GATAAGCTAT CTAATATCAA AGAAGAGCAT TATGAAAAA TTGTTGATTT TATGAATGCG	1560
50	AGAATAAATG CATGAAGCTA GATCACTCAA ATAGAGCTCA TGCAAAGCTT AGTGCAAGTG	1620
	GAGCAAAACA ATGGCTAAAC TGTCCACCGA GTATTAAGGC AAGTGAAGGT ATTGCAGATA	1680

55

EP 0 786 519 A2

GTCTTAAATA TGAAGGCCTA ACACAGTTTG AGTTTAATAA AGCTTTTCAA AATTATAAGC 1800  
 GAAATCAATA TTACAGTGAA GAGTTGCGCG AATATGTTGa AGAGTACGTA GCTAATGTAG 1860  
 5 AAGAAAAGTA TAACGAGGCT TTGaGTAGAG ATGACGATGT AATAGCTTTA TTTGAAACAA 1920  
 AATTGGATyT AGGTAAATAC GTCCCTGAAT CTTTTGGTay TGGTGATGTC AtTATATTTT 1980  
 10 CAGGTGGTGT ACTTGAAATT ATTGACCTTA AATACGGTAA AGGCATTGAA GTTTCAGCTA 2040  
 TAGATAATC 2049

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 292:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 942 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 292:

ATGATGTTTC TATATTCGTA TTAGGAAAAC CTGTTGGTAT TACAACAAAC GCCCTAAAAT 60  
 25 TACAATACCG CTGCTCCTAT ACCAATTGCA ACAACAGTTT TAACTGAAAT ATCTTGTTTT 120  
 TTCATCTTCA TTACTCCTt ACATAAAAAA TTCATTATAT TGATGGTGCT TTAGATAAAT 180  
 30 GAATCGTCCA ATCATTTCCA GTACCAATAT GATATAAATC TGAAAATGAG TCTTGATTGA 240  
 CTGCTACACC AATATTTACT AGCGAGTTAA CATAACAAG AGGTTCCACC ACATTAACAT 300  
 CTGCAAACGA TCGCGCAAAT TTAATAATAT TTTGATAGAC TTTCTTATCT TGATGATAAA 360  
 35 TTGTTACCAC CAAATTATTA CCATGAACAA TTTCCAAGGA TTTTAAGAAT GCCAATGGAA 420  
 TATTTGTCCA TAATGACCCA AATCTGATAT CTAAAATATC AATGCTTCCT GTAACAGAAT 480  
 CCTCATTtTTT TGTCATTCT CTTATTTCTA ATGCCTCAAT ACTATCAACA TTAATTGCCT 540  
 40 GACCGAGACG TTCAAACGCT ATCTTATTTG CAGCTAATCT CGCACCATTG TATGCATAAA 600  
 CATCTCTACC ATGAAAAGTA TGACTTTCTT CCGAATGAGG CAATCGGCTT TTCATTTCAT 660  
 CAATTTTCGAT AACTTTTTTA ATACCTTCGT AATGTTTAAT ATGACTTAAA GAACCATTAT 720  
 45 CAGGTGTAAT AATGTAATGA CCTGAATATG TTAAGCAAGC AATGTCCGCC TATCACTACC 780  
 TACACCCGGG TCTACCACTG ATACAAaAc TGTGCCTTTA GGCCAGTATT TTACAGTTTG 840  
 ATATAAACGA TATGACGCTA CCCAAATGTC ATACGGTGGT ATATCATGCG TTAAGTTTTC 900  
 50 AACACGTATA TCATCATTAC AGTATATGCA ACTCCATACA TT 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 293:

(A) LENGTH: 1268 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: doubl  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 293:

10	TGTAATAAAA TTTTATGnAA CATGCTGnGA TGCTACCATG AACCTTCTTC ATTTCTTTAT	60
	GTGAGATTGT GaAATTAATC AAATAATAAT ACGGTGGATA CTTTCCTAAT TTACGATATT	120
	CCATTTCTCTG ACGATAAAAT GTTAAATAAT CATTTTTTTTG AACATCCAAT ATTGAATAAT	180
15	GATCTGGATT ATACGTTTGA ATGATGACTT GACCTGCCTT TTCATGACGA CCAGCTCTAC	240
	CAGCCACTTG CGTTAATAGT TGATAAGTAC GTTCGCTCGC CCGAAAATCA GGTAAATTTA	300
	ACATTGTATC TGCATTGAGC ACACCAACTA AAGTAATATT TGGATAATCT AATCCTTTTCG	360
20	CAATCATCTG AGTACCTAGT AAAATGTCAC CGTTACCTTT TTCGAATTCA GTCAATAACT	420
	TTTCATGTGC ACCTTTCTTT GAGGTTGTAT CTACATCCAT CCTAATTATG CGCGCATCTT	480
25	CAAATTCCTG TTGCAATAGT TCTTCAACTT TCTGAGTACC AGTACCTACT TGTCGAATGT	540
	GTTCACTCTC ACAATTTGGA CATTGATTCTG GTGGCGTCTC TTGGTAACCA CAATAGTGAC	600
	ATTTTAATAA GTCTGTCGTT TTATGATACG TTAATGAAAT ATCACAGTTT GGACATTGCG	660
30	GTACATATCC ACAATCCCGA CATAACATAA ACGATGCATA ACCACGTCGA TTTAAAAATA	720
	AAACAACCTG TTCCTGTCTG TCTAATCTTA ATTGTATGGC TTCACGTAAA TCTTTTGAAA	780
	ACATTGACCG ATTACCTTCA CTCAATTCTT CACGCATGTC TACTATATCA ATTTGAGGTA	840
35	AAGCTTGTTG GTTCACTCTG TTTGGTAATG ATAGCAAATG ATAAACGCCT TTTTCAGCTC	900
	GTGCATAACT TTCAAGACAT GGTGTTGCAC TTCCTAAAAT GACTGGACAG TGATGATATT	960
	CAC <sup>H</sup> TCGCCA TTGGGCAATT TCTCTAGCGT GATATCTCGG ATAATCTTCT TGTTTATATG	1020
40	TAGATTCATG TTCTTCATCA ATGATGATTA ACCCTAAATT TTTGAAAGGT GCGAACACAC	1080
	TTGACCTTGC ACCAACAATT ACTCTCGCAC GACCATCCCT AATTTTTTGC CATTTCATCAT	1140
	AACGTTCCCC ATTAGATAAG CCAGAATGTA ATACAGCAAC GTCATCACCA AATCGACGTT	1200
45	TGAAGCGTAA AACCATTGTC GGTGTTAGAG CGATTTTCAGG AACTAACATC ATCGCCTGTT	1260
	TTCCTTGG	1268

50

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 294:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 629 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 294:

5 TACCACCAAA TAATATATTA GCTGGCATT TAATAACATT TAaATTGTG ATGATATCAT 60  
 CAATAAAATG TTGAAACTTC GTAATTTAC CTTCATAATC ATCAATTGCT GCTAATTGCG 120  
 CACTCGATGC TTGCTGATCT AAATTTAAAA TATTCGACAT GCGTTGACTA TAATAAACTA 180  
 10 AATGTTCTAT TAAGCCATCG TCACTCTTTT CCTTTGGTGC TGACATGACA GCGATACGTT 240  
 TCAAAGGATA GTGTGCGCC AATTTTAATG TCATTAATCC ACCTAAAGAC ACACCCGTTG 300  
 CACTGATAGA TTCATAACCT TCATTGACTA AAAATTGGTA AGCTTTCTCA ACTTCTTCCC 360  
 15 ACCAATCATC TACATTATAT GTCATGAAAT CTTTCAACAA TAAACCATGA CCTGGATAAT 420  
 TCGGTGCATA ACAACTAAAT CCTTGGTCAT TTAAGTCAGC TGCAAGATGC TTCACATCCC 480  
 GATTTGTACC TGTAATGAA TGTAATAATA ATATCGCATG TCCATTTGTG CCTTTTAAAT 540  
 20 ACGtGGACTC GGTGTTTTAA TTCTCATTTT TctatATAcC TCCACTAtGT CTAAAGakGT 600  
 TkGCTAAACG CGTTGtCGTC GATGATTAA 629

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 295:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2817 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 295:

35 TATGAAAGTA ATGAATGGTA ATATTATTAA ATTTGATGGA AAAGTAGATA TTGATAATGC 60  
 AGATAATATC GGTTTTTTAA TTGAGCATCC TAAATTATAT GATAATAAAT CAGGATTGTA 120  
 40 TAACTTGAAA TTATTTGCAC AAGTATTAGG TAAGGGTTTT GATAAAGCAT ACACAGACAA 180  
 AATTATAGAT GCATTTGGTA TGAGACCTTA TATTAAAAAG AAAGTTAAGA AATATTCAAT 240  
 GGGGATGAAG CAAAAGTTAG CAATTGCACT ATCTTTATG AATAAACCTA AATTTTTAAT 300  
 45 CTTGGATGAG CCTACAAATG GkATGGATCC AGATGGCTCa ATTGATGTGC TGACTIONAAT 360  
 TAAGTCTTTA GkAAATGaAC TTGATATGAG AATTCTaATA TCAAGTCATA AGTTAGAAGA 420  
 TATTGAATTA ATTTGTGATA GAGCTGTATT TTTAAGAGAC GGnCATTITTG TTCAAGATGT 480  
 50 AAACATGGAG GAAGGTGTTG CATCTGACAC AACGATAGTT ACTGTTGATC ATAAAGACTT 540  
 TGATAGAACT GAAAAATATC TTGCAGAGCA TTTCCAATTA CAAAATGTCG ACAAAGCAGA 600

55

## EP 0 786 519 A2

	ATTAGATATT TATCCGAAAT ATATTGAAAC ACGTAAAAGT TCATTGCGTG ATACGTACTT	720
	CAATATAAAT CAAAGAGGTG ATAAATAATG AGAATTTTAA ATTTAGTTAA GTATGATTTT	780
5	TATAGTATAT TTAAaATCC TTTAACATAT TTAGCGaTAC TAGTCGTATC TAGTTTGATT	840
	GCAACTCAAA GTATACTTAT GGCAAATTCTG ATGGATAACC CGAAACATAT TATTGTCTAT	900
10	GGATCTGTAT TTGCTGCAGC AAAATGGTTA TTGTTAATAA TTGGATTAAT GTTTGTGTGT	960
	AAGACAATTA CGCGTGATTT TTCACAAGGT ACAaTTCAAC TATATATGAG TAAAGTTAAA	1020
	ACACGCGTTG GATACATTAT TTCGAAAACA ATTTCAATTA TTTTAATTTT AATATTATTT	1080
15	GCATTAATTC ATTATGTGAT TTTGATTGTT GTGCAGGCAT CTAGTAATGG AAAAAATTTG	1140
	GCGTTTTCTA AATATGTAGA TAATTTATGG TTCTTCCTAA TCTTTTTACT ATTCTTTGGC	1200
	TTGTTTTTAT TCTTAATCAC ACTTGCATCA CAAAAACAG CAATGATATT TTCATTAGGT	1260
20	GTATTTTTAG TACTCATTGT ACCGTTTATT AAACCTTTTA TTACATTTAT CCCAAGATAC	1320
	GGTGAAAAAG TTTTAGATGC TTTTGATTAT ATCCCTTTTG CTTACTTAAC TGATAAAATG	1380
	ATTAGCTCTA ACTTTGATTT TAGCAATTGG CAATGGGTAA TTTCAATTAGG TTCTATAGTG	1440
25	ATATTCTTCA TTTTGAATAT CTTATATGTC GCTAAAAAG ACATyTAATA AAAATAATTT	1500
	TGAGGTTGGG AATTTTAAAT TTTCCCAACC TCAAAGTTTG TCTTATTGTA AATTTATTTA	1560
30	TTTTCTAATT TATTTAGGAT GGAATTATAA ACTGCTTTCC AAAATGAAGC GTCAGTTTTA	1620
	TAGCGGTTTG ATATAACTAA GTGTGTTTCT TTTTCTAAAT CTGCATAGTC TGGATGATCT	1680
	TTGCTCGGTA ATTTATCAGC ACGAACATCA GTTACAAATT TTTGGACTTC ATTTGCTCTT	1740
35	GGTCCCCAAA CTGTTTCTTG TTCGAATTGA TCATTCAAGA ATACGAAGAT AGGAATTGCA	1800
	CGTGATTTAC CATTTGTAA ATATTGATCG ATCAGTTTGT TATCATCATC TCTATGGAAC	1860
	ACGCGTACTT CTAAATTTAA TGCTTCACTG ATGTGTTTTA GAATTGGGAG ATTCATCATT	1920
40	GCATCTCCAC ACCAGTCTTC AGTAATTACT AATACTTTAG AATAATTCAT CTCTTTTATT	1980
	TTTTTGATGC GTGAATCATC TTCTGGTAAC TCAAATGATT GATAGATACT GAGAACGGTA	2040
	TCTTGATTTG TCTTCATTCC ATCAATGTAT TCATTTAAGG GTTGGCTATT TTTGAAATAA	2100
45	GTTTCTAAAT TTGTCATTGT AAAAACCTCC TTTAGCATTT ACAACATTAT ACCAATTTAT	2160
	AGTAATAAAA GGTAATGAAA TAAATTAATT GCAAATCTT TGTTAATTTT TGTTAAGGAT	2220
50	GAAACGGGAA GCACCTTATG CTATATTTAA ATAAGTACAA AGAAAGGGTG ACATCAGTGC	2280
	GTATTCAAAA TCGCTGGGTT GTGTTTATAT TATTTTAAAT CTGTTCTTTT GGTGTATTAA	2340
55	TTGGTTTATA TCAATATCGT CATACGAAAA CTGTGGATTT GTCTAATCTT GAAATAAACG	2400

## EP 0 786 519 A2

TTGATCGTTT TAAATTTTAT AACAGTAAAG CTCACCCTGA TCTTACCGTT AAAGTGAGAG 2520  
 AAAAGGATAA CATCGTTAAG GGGATAATAT TAGTAAGAGA TGAAAAGATA CATACTAATT 2580  
 5 TTGAtGGGGG AATTGGTTCG CCGATAAATA ACGCgATTGA AAATCTTGa TTCgGATATA 2640  
 AAAGrACaAA AGTTGGcAAT GrtTkCtCAT CgGTAAAGTA TATTGATAGA GATAACCATT 2700  
 TAAAATTAAA CTtACTTTTAT CAAGATTTAG AAATTAAACG TATTGAATTT TTTAGTAAAT 2760  
 10 AGCTTTTAGGT CTtAAAGTTw TAAAAAACGA ATGAaTAATT TTATTGGGAT GAGTGAC 2817

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 296:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1607 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 296:

TCTGTtAAAA TGATTTTTCT TTTAnAAAGG CCGnAAATCA ATGTTcGATT nTTATTTGCA 60  
 25 TTATGGTCTC GATATTGGTA GAATATCAAA TGGTtAAATG AGAAAACTT GGAGGTGCTC 120  
 ACATGTCATC AATCGTAGTA GTTGGGACAC AATGGGGAGA CGAAGGAAAA GGAAAAATAA 180  
 CGGATTTCTT GGcAGAACAG TCAGATGTTA TCGCGCGTTT TTCAGGTGGT AATAATGCAG 240  
 30 GCCATACCAT TCAATTTGGC GGAGAAACAT ATAAATTACA TTTAGTACCA TCTGGTATCT 300  
 TTTACAAAGA CAAATTAGCG GTAATCGGTA ACGGAGTCGT TGTTGATCCA GTTGCACTAT 360  
 TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTcCTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA 420  
 35 ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC 480  
 gTGGēGACAA TAAGATTGGT ACAAATAAAA AAGGTATCGG TCCAGCATAT GTAGACAAAG 540  
 40 TTCAACGTAT CGGTATTcGT ATGGCAGATT TACTTGAAAA AGAAACATTC GAAAGATTAT 600  
 TAAAATCAAA CATTGAATAT AAACAAGCAT ATTTCAAAGG TATGTTTAAC GAAACATGTC 660  
 CATCATTTGA TGATATCTTT GAAGAATATT ATGCAGCAGG TCAACGTCTA AAAGAATTTG 720  
 45 TAACAGACAC ATCAAAAATC TTAGACGATG CATTtGTAGC AGATGAAAAG GTACTTTTCG 780  
 AAGGTGCGCA AGGTGTAATG TTAGATATCG ACCATGGTAC ATATCCATTC GTTACATCAA 840  
 GTAATCCAAT TGCAGGTAAC GTTACTGTTG GTACAGGTGT AGGTCCTACA TTCGTTTCAA 900  
 50 AGGTAATTGG TGTATGTAAG GCTTATACAT CACGTGTTGG TGATGGTCCA TTCCCTACTG 960  
 AATTATTcGA TGAAGATGGA CATCATATTA GAGAGGTTGG TCGTGAATAC GGTACAACAA 1020

TAAGTGGTAT TACAGATTTA TCTATTAAC TCAATCGATGT TTTAACAGGC CTAGACACAG 1140  
 TGAAAATCTG TACAGCTTAT GAATTAGACG GTAAAGAAAT TACTGAGTAC CCAGCAAAC 1200  
 5 TAGATCAATT AAAACGTTGT AAACCAATCT TTGAAGAGTT ACCAGGTTGG ACAGAAGACG 1260  
 TAACAAATGT GCGTACTTTA GAAGAATTAC CTGAAAATGC ACGTAAATAT TTAGAGCGTA 1320  
 TTTCAGAATT ATGTAATGTA CAAATTTCTA TCTTCTCAGT TGGTCCAGAT AGAGAACAAA 1380  
 10 CAAACCTATT AAAAGAATTG TGGTAGAACT TTATATAAGT CATAACAAT GATTATAAAT 1440  
 ACATGAGCCT TCTATCTTTA TTGGTAGGAG GCTTTTGTTA TGCTTGCTTC TGTATCGATT 1500  
 CGATTATTTA GATAAAAAAT ACTAACGTAA AGGCGATATT TGCTAGTCAT AATTTAGAAG 1560  
 15 rTTAgATGAt AtTtAACGAA AAtTAAGATG anATACtTGA ATGGTAA 1607

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 297:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3055 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 297:

TTAGAAGTAA GCACTTTAAT ATCTTTACCT ACCCATGTAC CAACACCTTC TTTAGGCTTT 60  
 30 GGATTTTCAG CATGGTTATT TGATTTATTC ACCTGTTTCAG ATCTATTTAC TTTATTACCT 120  
 TTATTCGGGT TCTCTAATAC ATCAAATTTT AATCTCGGTG AATAAAAAAG ATATATTAAA 180  
 AATCCAATA AAAATAATAC ACCGACGACT CTTATAATTA ACTTTTTCAT CAATCAACCA 240  
 35 CCTAAAAAGT ATTAATACTA TTGTAAAAAA CAACACATTA ATTAGCAAAT TTTCAACACT 300  
 GACATAACTG TGTCGTTTCG ATAAAAACAA ATCATCTTCA GGCATAATTT TAACGTCATA 360  
 AAGATTTTCC CTACACTCTA TATCATAACC TATCTTTATG TTTTCAGGTT GAATTTTCATT 420  
 40 ATTAAGATTA AAATATGTAT AAAAAAATGG ACAGTTAAGG TATCAAATGA ATACCATCAA 480  
 CTGTCCGACT ATTCTTCATC AAAAAACCTG ATAAAAACAA TTGCCTTATC AGATTAGTAT 540  
 45 CATTTGTATA AGCATATTAA TGACCAAATG TTGCTTTAAT CAGTGATGTC GTTTCTCCAC 600  
 CTGGATATAA TACATATAAT AATAAGTAAA CTGCTACACC TGTAATTGCA GTACAGAACC 660  
 ATATAACTGA AGCGAATGGC CCGAATTTGC GGTGTACATT ATATTTATCT TTAATGCAG 720  
 50 TAATAATTTG AACTAGGCCT AGAATACCAC CAATTGTTGC TAAATTAATG TGGAAAAATA 780  
 AGAAAAATCGT ATAATATTTT TTAATTGATG CTGGTCCGCC AAATGCTGTA TTACCGATAA 840

	TAACATTTT	GTGTTTATTT	ATTTCCTTT	TCCAAATAAG	TCTCCAACCA	ATGGCAATTA	960
	AAATTGCACT	AATGACAATA	CATGTCGTAC	TAATCGTTGG	TAAAATTGGA	ACGCCCATAT	1020
5	TTTTCATCCT	AACTTAATTA	ATCTAGATCA	AAGTAAGTAA	TGAAACAATC	ACAGCTAACA	1080
	CGAAAAAGAT	CACTAAATAA	TTTAGTGAAT	ATATAAACAT	TTGTGTTGCC	CATTTTGT	1140
	GATCTGAATT	TTTCTTAAAT	GTGTGTTAAAC	CTAATGCAAT	CCATCCTAAA	TTTAATAAGG	1200
10	TrGCTAACAC	TaCGAATACG	ACACCTAAAT	TTATTAGTAA	TAAAGGTACT	GGCAATAAAA	1260
	TAATCAACCA	GATAAACATA	CTGACACGTG	TACGTTTAAA	GCCCTTAACT	GATGGTAACA	1320
	TTGGAATATT	TGCAAGTGCA	TATTCATCTT	TACGTTTAAAT	AGCTAAGGcA	TAAAAATGAA	1380
15	TTGGtTGCCA	AcMAAATACA	ACTAAAAACA	GCGCAATCGC	TGTTAAACTA	ATTTGTCCTT	1440
	CAATTGCAAC	CCATCCAATT	AGTGGTGGTA	CTGCTCCAGG	AAAACCTCCA	ATCACTGTGT	1500
20	TCCATGTTGT	ATGTCTTTTA	GACCATATTG	AGTAATAAGA	CACATAACCT	ACAATCCCCA	1560
	TAAGACCAAG	TACGCCTGAT	GGTATATTCA	ATAAAAACAA	ACAAATTTCT	CCAACATAACA	1620
	TCATACCAAA	ACTTAATAGT	AATAAATTTT	GATCTGTAAT	TCTATTATTT	ACAGTTGGTC	1680
25	TATTTTGT	ACTAGGCATA	ATACGATCAA	TATCTTGGTC	GTAATAATTA	TTTAACGCAC	1740
	ATGCGCCACC	CATAATTAAA	GATAGTCCAA	ATAGCATTAA	TAAAATTTGA	GGTATTGATG	1800
	ATAAGAAGGA	ATGATTTGTC	ATTACAACCTG	CTAGCCATGC	GcCGCAAAA	GCCGGAATTA	1860
30	AGTTACCTTG	AACAAGTCCC	ATTTTAATTA	TCTGTTGCAA	TTCTTTGAAG	TTAACTCTGC	1920
	TAATATTTTG	TGACmaAGTA	TGCTCTTTGC	TCATAATCCC	CCTCCTTAAA	TTTGTTTATA	1980
	TAAGATTATG	ATATCTTAGA	TTGCATAAAA	AGACTAGGTT	TAATAAAATT	AAATTGTGAC	2040
35	AAATTAAACGA	CAAGAGAAAA	TGTCAATTTT	GTGACACAAA	TAACATTTAA	TTTATTGCTA	2100
	TAAFGTATAT	GTTAGAAAAT	TTTAATAAGT	AGAATCATGC	ATCTAAAAGA	GATTAATATT	2160
40	TAAGCTTCAA	ATTTGAGTAA	ACGTGGATTA	CATAATTATC	CCAATAAAAA	AATCATTACG	2220
	ATTAAGTTCT	TTTTATGTCG	TCCACATACA	ATACTTGTA	AATTAAATCA	TATTTCTGTC	2280
	GTTGGATCCC	ATCTTTTCAT	ATCCTACAAT	CAGGTCTATT	TATAGTATCA	TCTCAAATCC	2340
45	GGCTATTAAAT	TCTAATTCTC	AGTGATGCGT	TTTTTTATGA	TGGGGTGTAT	AAATTGTTTG	2400
	GCAAAAAGAA	TTTAAATG	TTAGGTGTCG	TAGCAACGTT	AATGATGACA	TTTGTACAAC	2460
	TTGGTGGAGC	CTTAGTTACC	AAAACCGGAT	CAGCTGATGG	TTGTGGTTCT	TCTTGGCCAC	2520
50	TATGTCATGG	TGCGTTGATT	CCAGAATTCT	TTCCTATTGA	TACGATTATT	GAGTTAAGTC	2580
	ATAGAGCCGT	TTCAGCTTTG	TCTTTATTAA	TGGTCTTATG	GTTAGTTATC	ACTGCATGGA	2640

55



TATTGCAAGC ATTAATCGGA GCTGCTGCTG TTATTTGGCA AAAAAACGAT TACGTTTTAG 2760  
 CATTGCACTT TGGTATATCA TTAATCAGTT TCTCATCTGT ATTTTAAATA ACATTGATTA 2820  
 TTTTCTCTAT AGATCAAAAA TATGAAGCTG ACGAATTATA TATCAAAAAG CCATTAAGAC 2880  
 GTTTAACATG GTTAATGGCA ATCATCATTT ATTGTGGTGT TTATACTGGT GCACTAGTGa 2940  
 GACATGCGGA TGCAAGTTTA GCATATGGTG GTTGGCCATT GCCATTACCA CGATCTTGTA 3000  
 CCACATTGAG GAACAAGATT GGGTTCAACT CACGCATCGT ATCAnGGTCn nTTAA 3055

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 298:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 748 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 298:

TTCTTATTTA AAGAAGTCAT TTTTAGAAAT TGTTGAGACT TTAAAAAATG ATCCGTATAA 60  
 AATAACACAA TCTTTTGAAA AATTAGAGCC TAAATATTTA GAGCGATATT CAAGAAGAAT 120  
 TAACCATCAG CACAGGTCG TCTATACCGT AGATGATCGA AATAAAGAAG TATTAATACT 180  
 ATCGGCATGG TCACATTATG ATTAATGAAT ATTCAATATC TGAATAACTT TAATGATAAG 240  
 TTAATTAAAG AAAGTAGTAT TTAAGTGTAG GGAAAATAGC GACGTTAATG CGTTGTTATC 300  
 TCTACACTTT TTAATTTTAT AATAGCGCAA GACTAAACAG ATTGAAATTA GTAACAATAA 360  
 AAGAATAACG TATTATAATA AGGAATTTTA AATTGTGACT TTTTCGGAAT ATTAAATTTT 420  
 AGAAATATGA GGTTTTAAAG CGGATTCCTC ACAAATTTT AAAAATATTT AAGCCTGAAA 480  
 ATGATAAAGC GGTAGGGAAC GTTTTTCTGA AaGTTAGTGA TACAATAGTT TTAAGTTGAA 540  
 ATACAGGAGG ATGAATAACA TGAATCAGTC AGTCAAATTA CTTAAACATT TAACAGATGT 600  
 AAACGGCATT GCTGGTTATG AAATGCAAGT TAAAGAAGCA ATGCGTaACT ATATAGAGCC 660  
 TGTCAGTGAT CaATTATTG AAGATAACTT GGGTGGCATT TTTGGAAAGA AAAATGCTGA 720  
 GAATGGTCAA TACTCAATTA TGGAnTTC 748

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 299:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4718 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 299:

	ACCTCCGAAT AATTGATTCC ATTAACITTTT TTTGTG <sub>a</sub> AAA AtTTAAACAG GCGAAGTCTT	60
5	CAATAAGTGA AGATGTCCAA ATTATAAAAA ATACATTCCA AAAAGAAAAG TTAGGTACAG	120
	TAATTACtAC ycTGGCGCAA GTGGTGGTGT TACGTATAAA CCAATGATGA GTAAAGAAGA	180
	GGCGACTGAA GTTGTTAATG AGGTCATTAC TCTATTAGAA GAGAAAGAAC GTTTGT <sub>T</sub> AcC	240
10	TGGCGGATAT TTATTTT <sub>T</sub> TAT CAGATT <sub>T</sub> TGGT AGGTAATCCA TCGCTACTAA ACAAAGTTGG	300
	TAAGTTAATT GCCAGTATTT ACATGGAAGA AAAATTAGAT GCTGTTGTTA CCATTGCGAC	360
15	AAAAGGTATT TCATTGGCAA ATGCGGTTGC TAATATTTTA AATT <sub>T</sub> TACCAG TAGTAGTGAT	420
	TAGAAAAGAC AACAAGGTGA CTGAAGGTTT TACAGTTTCA ATTAATTACG TTTCAGGATC	480
	TTCAAGAAAA ATAGAAACAA TGGTACTTTC GAAGAGAACT TTAGCAGAAA ATTCAAATGT	540
20	TTTAGTTGTC GATGATTTTA TGAGGGCTGG TGGCTCTATT AATGGTGTTA TGAATTTAAT	600
	GAATGAGTTT AAAGCCCATG TAAAAGGGGT ATCAGTACTT GTAGAATCAA AAGAAGTTAA	660
	ACAAAGATTG ATTGAAGATT ATACTTCCTT AGTGAAATTA TCTGATGTAG ATGAATATAA	720
25	TCaAGAGTTT AACGTAGAAC CTGGCAACAG TTTATCTAAG TTTTCATAAA AGGAGTTTTA	780
	GTATTATGAA AATCATTAAc ACAACAAGAT TACCGGAAGC ACTTGGACCA TATT <sub>T</sub> CGCATG	840
	CAACAGTTGT GAATGGTATG GTTTATACTT CTGGTCAGAT TCCATTGAAT ATTGATGGAC	900
30	ATATCGTAAG CGCTGATGTT CAAGCACAGA CAAAACAAGT TTTAGAAAAT TTAAAGGTTG	960
	TTTTGGAAGA AGCAGGATCT GATT <sub>T</sub> TGAATT CTGTTGCGAA AGCGACCATT TTCATTAAAG	1020
35	ATATGAATGA TTTCCAAAAA ATAAATGAAG TGTATGGTCA ATATTTTAAT GAACACAAGC	1080
	CAGCGCGTAG TTGTGTAGAG GTTGCGCGTT TGCCAAAAGA TGTGAAAGTA GAAATTGAAT	1140
	TAGTAAAGTAA AATTAAGGAA TTATAATTTT CGATTAAATAT GTTTAATCAA GCTTCTAAAT	1200
40	AAAACAGAGA GATATATACT ATAGGGGGGC TCACTACATG AAAGTGACAG ATGTAAGACT	1260
	TAGAAAAATA CAAACAGATG GACGAATGAA AGCACTCGTT TCCATTACAT TAGATGAAGC	1320
	TTTCGTAATT CATGATTTAC GTGTAATTGA AGGAACTCT GGCTTGTT <sub>T</sub> CG TTGCAATGCC	1380
45	AAGTAAACGT ACACCAGATG GTGAATTCCG CGACATCG <sub>g</sub> CATCCTATTA ATTCAGATAT	1440
	GAGACAAGAA ATTCAAGATG CAGTGATGAA AGTATATGAT GAAACAGATG AAGTAGTACC	1500
	AGATAAAAAc GCTACATCAG AAGATTCAGA AGAAGCTTAA TCAATTTTAT ATTTAGCGAT	1560
50	GTAATACATT TGCAATAAGT TGATTTGATA CTGTCGATAA AGCATAAAGC TTTGTCGGCA	1620
	GTTTTTTTAG TTTGTATTAA TGTTTTTTTA TTTTAAATGA AAGGCTAATA AATATATACG	1680

55

	TGaTGCTCGT ATTTTGAAG TAAGAAAAA GTTGTTTTAA AAATTACAAC GAATTAAAAA	1800
	CAATGCCTTT TATATGTTGA AAGAGTATTG CaGATTAAAT TaTAATAATG ACGAaGgTAA	1860
5	AAATTTAATGG GGGTTAATGT TCATGCGAAG ACACGCGATA ATTTTGGCAG CAGGTAAAGG	1920
	CACAAGAATG AAATCTAAAA AGTATAAAGT GCTACACGAG GTTGCTGGGA AACCTATGGT	1980
	CGAACATGTA TTGGAAAGTG TGAAAGGCTC TGGTGTGAT CAAGTTGTAA CCATCGTAGG	2040
10	ACATGGTGCT GAAAGTGTA AAGGACATTT AGGCGAGCGT TCTTTATACA GTTTTCAAGA	2100
	GGAACAACCT GGTACTGCGC ATGCaTGCAA ATGGCGAAAT CACACTTAGA AGACAAGGAA	2160
15	GGTACGACAA TCGTTGTATG TGGTGACACA CCGCTCATCA CAAAGGAAAC ATTAGTAACA	2220
	TTGATTGCGC ATCAGCAGGA TGCTAATGCT CAAGCAACTG TATTATCTGC ATCGATTCAA	2280
	CAACCATATG GATACGGAAG AATCGTTCGA AATGCGTCAG GTCGTTTAGA ACGCATAGTT	2340
20	GAAGAGAAAG ATGCAACGCA AGCTGAAAAG GATATTAATG AAATTAGTTC AGGTATTTTT	2400
	GCGTTTAATA ATAAAACGTT GTTTGAAAAA TTAACACAAG TGAAAAATGA TAATGCGCAA	2460
	GGTGAATATT ACCTCCCTGa TGTATTGTCG TTAATTTTAA ATGATGGCGG CATCGTAGAA	2520
25	GTCTATCGTA CCAATGATGT TGAAGAAATC ATGGGTGTAA ATGATCGTGT AATGCTTAGT	2580
	CAGGCTGAGA AGGCGATGCA ACGTCGTACG AATCATTATC ACATGCTAAA TGGTGTGACA	2640
	ATCATCGATC CTGACAGCAC TTATATTGGT CCAGACGTTA CAATTGGTAG TGATACAGTC	2700
30	ATTGAACCAG GCGTACGAAT TAATGGTCGT ACAGAAATTG GCGAAGATGT TGTATTGGT	2760
	CAGTACTCTG AAATTAACAA TAGTACGATT GAAAATGGTG CATGTATTCA ACAGTCTGTT	2820
	GTTAATGATG CTAGCGTAGG AGCGAATACT AAGGTCGGAC CGTTTGCGCA ATTGAGACCA	2880
35	GGCGCGCAAT TAGGTGCAGA TGTTAAGGTT GGAAATTTTG TAGAAATTAA AAAAGCAGAT	2940
	CTTAAAGATG GTGCCAAGGT TTCACATTTA AGTTATATTG GCGATGCTGT AATTGGCGAA	3000
40	CGTACTAATA TTGGTTGCGG AACGATTACA GTTAACTATG ATGGTGAAAA TAAATTTAAA	3060
	AcTATCGTCG GCAAAGATTC ATTTGTAGGT TGCAATGTTA ATTTAGTAGC ACCTGTAACA	3120
	ATTGGTGATG ATGTATTGGT GGCAGCTGGT TCCACAATCA CAGATGACGT ACCAAATGAC	3180
45	AGTTTAGCTG TGGCAAGAGC AAGACAAACA ACAAAGAAG GATATAGGAA ATAATCATTT	3240
	ACGTATTTAA AATGGCTAGG ATAAAAGGAT AATCCTATGT AATATTAATG TAATCTTTAT	3300
	GATTTAATGA TTCGCATAGT AATGGAGTTA CATyTTATAT ATAATAGTAA TTGCGTAAGT	3360
50	AAATAATTGG AGGACTATAA ATGTTAAATA ATGAATATAA GAATTCGTCA TTAAAGATTT	3420
	TTTCATTGAA AGGAAACGAA GCATTAGCGC AAGAAGTTGC TGACCAAGTA GGAATTGAAC	3480

55

GTATTCGTGG TTGTGACGTA TTTATTATTC AACCAACATC ATATCCTGTG AATCTACATT 3600  
 TAATGGAATT ATTAATTATG ATTGATGCTT GTAAACGTGC TTCTGCAGCA ACAATCAATA 3660  
 5 TTGTAGTGCC ATATTATGGA TATGCAAGAC AAGATAGAAA AGCCCGTAGC CGTGAGCCAA 3720  
 TCACTGCTAA ATTAGTTGCA AACTTAATCG AAACAGctGG CGCAACTCGT ATGATTGCGT 3780  
 10 TAGACTTACA TGCACCACAA ATTCAAGGAT TCTTTGATAT TCCAATTGAC CACTTAATGG 3840  
 GTGTGCCAAT TCTTGCTAAA CATTTCAAAG ATGATCCGAA TATTAACCCA GAAGAATGTG 3900  
 TCGTTGTTcA CCAGACCATG GCGGsnTTAC ACGTGACGCT AAATTAGCTG ACATTTTAAA 3960  
 15 AACTCCAATT GCAATTATAG ATAAACGTCTG TCCTAGACCA AATGTTGCTG AAGTGATGAA 4020  
 CATTGTTGGT GAGATTGAAG GACGTACGGC AATTATTATT GACGATATTA TTGATACAGC 4080  
 AGGTACAATC ACTTTAGCTG CACAAGCATT AAAAGATAAA GGTGCTAAAG AAGTATATGC 4140  
 20 TTGTTGTACA CACCCTGTTT TATCAGGACC GGCTAAAGAA CGTATCGAAA ATTCTGCTAT 4200  
 AAAAGAATTA ATCGTAACAA ACTCAATTCA TTTAGATGAA GATCGCAAAC CATCTAACAC 4260  
 TAAAGAATTA TCTGTTGCTG GTTTAATCGC ACAAGCTATC ATTCGTGTAT ACGAAAGAGA 4320  
 25 ATCAGTTAGC GTATTATTTG ACTAATATTT AAAAGGCGTT TGACGAACAT ATTCCAAACG 4380  
 TGTATAATAG TTTCGTTTCGT GATTATACGA ATAAATAAAC ACTTGCAAGC AACGATGATG 4440  
 TTGATGGGTA AGTGAGGTGC TCGTTTTGAG CAAAAATGAA AGGTGGAAAT GAGAATGGCT 4500  
 30 TCATTAAAGT CAATCATCCG TCAAGGTAAA CAAACACGTT CAGATCTTAA ACAATTAAGA 4560  
 AAATCTGGTA AAGTACCAGC AGTAGTATAC GGTTACGGTA CTAAAAACGT GTCAGTTAAA 4620  
 GTTGATGAAG TAGAATTCAT CAAAGTTATC CGTGAAGTAG GTCGTAACGG TGTATCGAA 4680  
 35 TTAGGCGTTG GTTCTAAAAC TATCAAAGTT ATGGTTGC 4718

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 300:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3181 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 300:

AAAATGCATA TAAATACATA TTAAGGAGGA TTTTATGAAT TTTCTTAAAC CTGCAAAGCA 60  
 50 TATTAAGCCT TTGCCAGAAA ATCAGATAGA TGATACCTAT AAACGATTAC GTCTCCAAGT 120  
 ATTTCTTGGT ATTTTCATCG GTTACGCTGG GTACTATTTA TTACGTAAAA ACTTTTCGTT 180

55

## EP 0 786 519 A2

	TGCTGTTTCC ATCGCATATG GATTTAGTAA GTTCTTTATG GGTACTGTAA gTGATCGGAG	300
	CAATGCTCGG ATATTCTTAG TTCTTGGAAT AGCACTCACT GCTATCGTCA ATTTGTTAAT	360
5	GGGATTTGTA CCGTTCTTTA CATCAGGTAT CGGTATTATG TTTGTCCTAT TATTCTTAAA	420
	TGGATGGTTT CAAGGTATGG GCTGGCCACC TTCAGGCCGT GTTCTCGTTC ACTGGTTTAG	480
	TGTAAGTGAA CGCGGAAGTA AGACTGCCCT TTGGAACGTT GCGCATAATG TTGGTGGAGG	540
10	TATTATGGCA CCTATTGCTG CTTGGGGTAT TACAACAACCT GCATTTATCA ACTTTGGTTA	600
	TTTAAAAGGT TTCGAAGGTG TATTCATTTA CCCTGCACTC TTAGCACTTA TCATTGCCGC	660
15	AATTTACATC GTATTGATTA GAGACACACC TCAATCTCAA GGTTTACCTC CAATCGAAAT	720
	TTATAAAAAT GACTTTGCTA CAAGCGATAA GAAAACATTA GAAACAGAAT TAACTACAAA	780
	AGAAATTTTA TTTAAATATG TACTGAACAA TAAATGGGTA TGGGCAATTG CCTTTGCAAA	840
20	TATATTTGTT TATTTCTGTC GTTATGGTGT ACTTGATTGG GCGCCAGTCT ACTTAAGTGA	900
	AGAAAAACAT TTCGACTTAA AAGCATCAGG TTGGGCATAC TTCTTATACG AATGGGCTGG	960
	AATTCCTGGT ACATTATTAT GTGGTTACAT TTCTGATAAA TTATTCAAAG GTCGTCGTGG	1020
25	ACCTGCAGGT TTCTTCTTTA TGTTAGGTGT CACAGTATTT GTATTAATTT ATTGGTTAAA	1080
	TCCTCCAGGC AATGCTTGGT TAGACAATGT CTCATTAATT GCCATTGGTT TCTTAATATA	1140
	TGGACCAGTT ATGTTAATTG GTTTACAAGC ATTAGATTAT GTACCTAAAA AAGCAGCTGG	1200
30	CACAGcAGCT GGATTAACAG GATTATTTGG TTATCTGTTT GGTGCTGTAA TGGCCAACAT	1260
	CGTCTTAGGT GCTGTAGTTG ATAAATTCGG ATGGGATGTC GGTTTTATTT TATTAACAGC	1320
	AATTAGTGTG TTTGCAATGT TGAGCTTTAT CCTCACTTGG AATAAAGTAG GACAAGAAAC	1380
35	CGTTCATCAT TAAATGATAA AAAATAAAGT CATATGGTTA TCTTATCGAA AGATGATATA	1440
	TTCTCTCTTT ATAAGTTCAA CCATATGACT TTTTATTAGT ATTCAAAAAA ATATTTACAT	1500
	TGCCACTTTT GTGTTTGCCC TGCTGTTTTA TTCAATTGAT TACACCACTT AGGATAAACT	1560
40	CTAAAAGCCA TTTTCCCTTG ATACTTAGAT GAAGCTAAGA TACCTTTTTC TACCAATAAT	1620
	TCCCTAGGAA ATAGAAAGTA GCCATTTAAT TCATCATCGA TAACAGCAAC AATCAGGTAA	1680
45	TCAGCAAACT CTTCAATTTT GTATGGCCGA TTATAATTAT CcTCGTCTTT TGTCCAACAT	1740
	GTCACGAAAT ATCCCGATTT AGTCGGTGTG TTCTTAGCTA ACCTACTTTG ATATGTTTCC	1800
	TCTTTAAAGC TAAATGTTAA TGCyTCGTAA TCTTGATTAT ATTTTCTTC AGTTAAATCT	1860
50	TTAACTTCTG ATTCTTCACT AAAAATATTT TTCAACAGTA TTTTAGATTT ACACATATGC	1920
	CAATCTCACT TTATTTTTTC ATAATCGTAT CATATATTTA TTTTTTCGA AAAATACACT	1980

55

## EP 0 786 519 A2

TGTATCAACT GTCAAACGAT CACGTAATAA ATAGACGATT AACATTGcTG CTAAAGCACA 2100  
 AAGTGACTCA GCAATTAATA ATGACCAAAT GACACCTGTT AGTCCAAACA AAGCATTTCAT 2160  
 5 AATAAATAAT ACTGGAATGA TAATTGCACC TTGTAAAATG GCCATAATTG TAGCACCACG 2220  
 ACCTTGCCCA GTCGCTTGAA GCATACCAGT AAACAAGAAA CCTATACCAT TTAATAATAA 2280  
 TGATGCCATT GTTACTTTCA AAATAAATGt CGCCATCTCA ACAATGGCTT GATCAGTAGT 2340  
 10 AAATAGTCCG ACCATATGAT GTCCAATTGT AAATACAGCA CTCATACATA CAACAAAGAT 2400  
 AACGCCGATA GACATGATAA CTGCTTTGAT AACGTCTTTC ATACGGCCTT TATTTGCCAT 2460  
 AAAGTTATAT GCAATTAGTG GTACAACACC TTCACATAAT CCCATGATAA TAAGTTCTGG 2520  
 15 aAATTGCACA AGTCTAAATG AGATACCATA ACTTGCaATC GCGAAGTTTC CATAATGTGC 2580  
 TAAAAATAAA TTTAAAACTA ATCCTGTGAA TCCCATTAAG ATACTCATTa AAAATGCAGG 2640  
 AATACCGATT TTAAAGATTT CAGAAAGCAT TTCTTTATTA GGTTTCGCAA GTTTAATATT 2700  
 AACTGACACA ACGTCACTAT TTTTCATAAA ATAAATGATA AAGAACAGAG CAGCAGCAAC 2760  
 ATTACTGATT GCAGTACCCA AAGCTGcACC AACAACTTT aAATCAAAAC CAAAAATTAA 2820  
 25 AATTGGATCT AAAATAATAT TTAAGCCTAC ACTAGCTAAC ATACCAATCA TAGAAACCAT 2880  
 TGGTGCCCCA ATTGCACGTG CAAATTGTTC TAATATGAAG AACAAAATTA CAAAAGGTGC 2940  
 ACTTAAAAAC ATTACTTTCA AATAATTACT TGTTAAAGCT AACGTTTCAC CTCTCGCCCC 3000  
 30 TAAAATTGCT GCGATTTGAT CACTGAATGG TAAAGTAACT AAAATCACGA TAAGTCCTAG 3060  
 TGCAATACCA CCATAAATAG AGAACTACT TACAAATTTA CTCTTAmTAT AGTCTTTTCGC 3120  
 ACCTAATAAA CGTGAAATAT AAGTTCTGTC ACCAACGCCA AATAAATTAC CTAACCCCAT 3180  
 35 T 3181

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 301:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4029 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 301:

TCATCACCTT CAAATAAATA GGCATGCGAT AATTTATTTG AATGATATGC ATTCGTCAAT 60  
 50 TGTGTCTGTT CATCCATTCA TTACAACTC CCTTTTGCTT TTATATAAAA AGGTTGCCAA 120  
 AGAGCAACTA ATTACTGCAA CAATAGCGAC CATGATTGTG GATTATTTTt AGAACCACAA 180

55

	TTATTAATAC ACTATTTTAA GTATCTCTAA TTGATGATTG TATTATAGAA TTAAAATTGA	300
	TGGAATGCAT CAACTGGCAT AACAAATACA GTAGCACCGC CAACTTCAAC TTCAACTGGA	360
5	TATGGAATGT ACGAATCGC ACTGCCTCCC ATAGGTGTAA TAGGTGAAAC CAACTGTTCT	420
	CTATTACCAC ACGTTTGATT AATCACAGAC AATATTTTCAT CTACACGGTC ATCATTGACA	480
	CCACATAAGA ATGTTGTATT ACCCGCTCTT AAAAACCAC CTGTTGTTGC CAATTTTGTT	540
10	GCTCTAAAGT TATTTTAAAC AAGTTGATCT GCAAGTTCCT GACTATCTTG ATCTTGACG	600
	ATCGCTATAA TCATTTTCAT TTTATAACAC CTCTTCTAAC AATTATATCA TATCTTTTCT	660
15	AAATATTTGA TGATAGTTTG ATACGTGTCT TCAACAACAT TTTCAAGAGG TTGATCTGCA	720
	TTAACGCTTT TGAACCGTTG TGATTCATTA TGAATGATTT CTTGGTAACC TTCAATTACT	780
	TTTTCGTGAA cTTTAAATCT TCTTGATCTA ATCTATTTTG ATCTCTTGAA TTTTAAATAA	840
20	TACGTTTCGG ACCTACTTCA GCACTAACAT TTAAATAAAT CGTCAAGTCT GGAATAATC	900
	CATTTATTGC AAATTCGTTT AATGCTCTTA CTTCTTCAAC GCCAATCCCT CTAGCATAAC	960
	CTTGATAAGC TAATGAACTA TCGATATAGC GATCACACAA CACAACCTTA CCTTCTTTTA	1020
25	AAGCTGGTAT GACCTTTAAT ACAAGATGTT CTCTTCTAGA TGCAGCAAAT AACATTGcTT	1080
	CaGtTcTAAT GTCCATATCA TTGCCcTTCT AATACAATTT TACGTATTTTc TTCAACAGTA	1140
	GGAACACCAC CTGGTTCTCT AGTCATAATG ACATCATAAT CTTTACTAA TCTATGGTAA	1200
30	ACTTCATTAA TTACAGTTGT TTTCCAGAG CCTTCTGGGC CCTCAAAAGT TATAAAAGCT	1260
	GACATTTTAT TCATCCTCAA CTAAAATTTT ATTATTTTAA ATTCCTTCAA CTATCATTC	1320
	AGTTTCAGTA TATTCATTTA CCAATTCTAT CATATTTTCA GTTATTGTTT CTCCTTTGAA	1380
35	AATAATAGGA ATcCCTGGcG GATACGGGAC AATATGTGCG GCCAGAACTT TACCTTTgCC	1440
	TTTTcAAATC ACACCAAGTA ACATATTCAA AGCGTTTTGG TTTATAGTTA CCTTCAGTyG	1500
40	TTAAAAGTTG TGTTTGTTTA ACTTTAGAAA CTGATTTTTT CGGTAAAATC ATATCTTCAA	1560
	TTTACGTAA AAGCGAATCA AATAAATACG TATCATCATG ATGCCATAAC GGCAATATCG	1620
	CTAATGCTTG ATAGTCGTCC GCTAATTCTA AATAGATATG TGCATTATA AACCAATTTT	1680
45	GAATATCATG ACCTGTAAAA CCTTCATATT TTATCAGCAA CTTCAACGGA TCATCAACTT	1740
	GAAGCATTTTc AAAACCCTTC TTCTCCAAAC ATTTCGATTAA TTGCGCTCTC TTATCAAAAA	1800
	ACACGGTACT ATCATATGTT TTATAGAACT CGGCAGCTGA CTCTAAACTA GCCATAATCA	1860
50	AATACGAAGG ACTAGATGTT TGGAAGTAGC TTAGATATTC TATAATAGTT TCTCTATAAG	1920
	GTGCATTTTT ATGAATATAA AGTACCGAGC CCATCGTTAA AGCTGGTAAC GTTTTATGAA	1980

55

EP 0 786 519 A2

	CAAAGTGGCG	GCCGTGTGCT	TCGTCAATGA	GTACAGGAAT	ATTTAATTGG	TGCAAAGATT	2100
	TGATAACCTC	TTCTACATTA	AATGTTTCAC	CGTAATAGTT	AGGATAAGTC	AACACAGCAA	2160
5	GTTTGTGACC	GTCATTATTC	AAACGGCTTA	AATTAACCTT	ATTATAATGA	TTCGTTAACG	2220
	GACTTTGATG	CGTTTCAATA	AAATGCCCTT	CTTGTTGGCT	AATATCGAGC	GCATGTAACA	2280
	CAGATTTATG	TACATTTCTT	GCCATTAAGA	TATCGCCTTT	TTTCTGTGAA	AAAGACTGGA	2340
10	TGACAGATAA	TATTCCTGAA	GTGGTGCCAT	TCACTAAGAA	ATAAGCATCA	TAATCTGAAT	2400
	GTTTCTCCAC	CTGCTTCATA	CTTTCCAAAA	TGACTTCTTC	AGGATGATGT	AAATCAnCTn	2460
	AATCCAGGTA	TTTCAGTTTT	ATCCATTGTC	ATTGATAATT	GAGATAAATG	ACCGATAGTC	2520
15	ATATTTTTAT	GACCCGGAAC	ATGCAAAGAA	ATCGCTTCTT	CTTGATTTAA	ACTTTCTAAT	2580
	TTATTTAAAA	TAGGTGCTT	CATGATATAC	GCTTCCTTTA	TTTACACTGT	TTTGGGAATTA	2640
20	GTTACTTTCA	AAAGTATTAA	TTATATAGTA	ACACTTCTTT	GACAAAAGTT	AGTGTTACTT	2700
	ATGCAATAGC	TTGTCTATTG	TATAATAATT	AATTTCTTTT	TTGTACTTCG	ATTTAAAAGA	2760
	TATTAGACAT	AAAATCTAAA	AACAGCAGTA	AGATGATTTA	TGATTAAAAA	CTATCTTACT	2820
25	GCTGTTCACT	TTTTATAATA	CTTCTGAATG	TCTTCACTTA	TACTTCTAGT	CACAGATTTA	2880
	AATAATCAAA	AGTGCACATT	ATTAAAATAT	CAATTTCACA	CTCAATGCGG	CTCATCGCAT	2940
	TCATTTCTTG	TCTAGCAACG	TTCTACTCTA	GCGGAACGTA	AGTTAGCTAC	CATCCTCGCT	3000
30	AAGAACCTTT	CTTGACTTGT	GACAATCGCT	TGCTTCTTTC	CTCTCCTTCG	GCTCTCGCTT	3060
	ACTCATTTAG	CTCTACTAAA	CTCGTTGCGC	TCTTTTCTCG	TTTCGTCAGA	TTCAAACGTT	3120
	TTCACTTCGC	CAAGCCATTT	TTCTTTGTGT	TTACTTTTTA	TTTTGACGTT	TTAGACATAA	3180
35	AAAAAGAGAC	cTCACGGTCT	CAACTTGCCCT	GGCAACGTTT	TACTCTAGCG	GAACGTAAGT	3240
	TGGCTACCAT	CGTCGCTAAA	GACCTTTCTT	GACTTGTGAC	AATCGCTTGC	TTCTTTCTCT	3300
40	TCCTTCGGCT	CTCGCTTACT	CATTTAGCTC	TACTAAACTC	GTTGCGCTCT	TTTCTCGTTT	3360
	CGTCAGATTC	AAACGTTTTT	ACTTCGCCAA	GCCATTTTTC	TTTGTGTTTA	CTTTTTATTT	3420
	TGACGTTTTA	GrCATAAAAA	AAAGAGACcT	TGCGGTCTCA	ATGCGGCTCA	TCGCATCCAT	3480
45	TTTTTGCCCTG	GCAACGTTCT	ACTCTAGCGG	AACGTAAGTT	GGCTACCATC	GwCGCTAaGA	3540
	acCTTTCTTG	ACTTGTGACA	ATCGCTTGCT	TCTTTCTCTT	yCTTCGGCTC	TCGCTTACTC	3600
	ATTTAGCTCT	ACTAAACTCG	TTGCGCTCTT	TTCTCGTTTC	GTCAGATTCA	AACGTTTTCA	3660
50	CTTCGCCAAG	CCATTTTCTT	TTGTGTTTGC	TTTTTATTTT	GACGTTTTAG	ACATAAAAAA	3720
	AAGAGACCTT	GCGGTCTCAA	TGCGGCTCAT	CGCATCCATT	TTTTGCCTGG	CAACGTTCTA	3780

55



CATGGGAACA GGTGTGACCT CCTTGCTATA GTCACCAGAC ATATGAATGT AATTTATACA 3900  
 TTCAAAACTA GATAGTAAGT gAAAAGTGA TTTTGCTTCG CAAAACATTT ATTTTGGATT 3960  
 5 AAGTCTTCGA TCGATTAGTG ATTCGTGCAG CTCCACATGT GCACCATGCT TGCCACCTCG 4020  
 GAACCTATT 4029

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 302:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 7159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 302:

20 GATGCAATAG TTGAGTAGTT ATAAGTAGCT ACATACAACC GCTCAAATAT AGGTTCAAGA 60  
 ACATTTTTTAA TGAAGAAAGC GATTTTCCm CAGAGTGCAA ACGCTTGACT CAATAACGAA 120  
 ATGTCACCTA TGTATGGCGT GACTTATTAT ACAGGaGGTG CAAAGTATGT TTGCTATTAT 180  
 25 TGAAACAGGT GGAAAACAAA TCAAAGTAGA AGAAGGTCAA GAAATCTTCG TTGAAAAATT 240  
 AGACGTAAAC GAAGGAGATA CTTTTACATT TGATAAAGTA TTATTTGTAG GTGGAGATTC 300  
 AGTTAAAGTT GGAGCGCCAA CAGTTGAAGG TGCAACAGTT ACTGCTACTG TTAATAAACA 360  
 30 AGGTCGCGGT AAAAAATCA CTGTATTAC ATACAAACGT CGTAAAAATT CAAAACGTAA 420  
 AAAAGGCCAT CGTCAACCAT AACTAAATT AACAATCGAT AAAATCAACG CGTAATTATT 480  
 ATGATTACTG TTGATATTAC AGTTAATGAT GAAGGCAAAG TAACAGACGT TATTATGGAT 540  
 35 GGCCATGCTG aCCATGGTGa ATATGGTCAT GATATCGTTT GTGCTGGAGC TTCaGCTGTA 600  
 TTGFTTGTA GTGTAAATGC GATTATAGGA TTGACATCTG AGAGACCAGA TATCAATTAT 660  
 GACGACAATG GTGGTCATTT TCATATAAGA AGCGTTGATA CAAACAACGA TGAAGCGCAA 720  
 40 CTAATTCTTC AAACAATGCT TGTGCTTTA CAACTATTG AAGAAGAATA TAATGAGAAT 780  
 ATTAGATTAA ATTATAAGTG AGGTGCATTC CGATGTTAAA ATTAACTTA CAATTCTTCG 840  
 45 CATCTAAAAA AGGGGTAAAGT TCTACAAAAA ACGGACGTGA CTCTGAATCA AAACGCTTAG 900  
 GTGCTAAACG TGCTGACGGT CAATTCGTAA CAGGTGGTTC AATTTTATAT CGCCAACGTG 960  
 GTACTAAAAAT TTACCCTGGT GAAAATGTAG GTCGTGGTGG CGATGATACA TTATTCGCTA 1020  
 50 AAATCGACCG CGTTGTTAAA TTCGAACGTA AAGGTCGCGA CAAAAACAA GTTTCTGTAT 1080  
 ATGCAGTAGC TGAATAATTT TGTCTAGTTA ACACCAGAAG TGAATCTTCT GGTGTTtTTT 1140

	AGACGTTATA CTAAATGTGC AcTGTATAAG AGCCCCTAAT CACTAAACTA TAAGGGGGAC	1260
	AAAGGAATAC AGTTGCAGCG TTTAAAGAAT AAACGTACC ACAATTGGTG CTGAGAAATA	1320
5	TAAGTATTTT AAAGCAAAGA TTTATAAAAG TAACTGCATA AGAGCCCCTA ATTATTTACA	1380
	ATATATAAGG GGCTCTAATA TGCTATAATT ATTGGGAAAA TGAAAATTAT ATGTAAAAGA	1440
10	GGTGAGATAT ATGTTTGTCTG ATCAAGTCAA AATATCTCTT AAAGCCGGTG ATGGTGGTAA	1500
	TGGTATTACC GCATACAGAA GAGAAAAATA TGTACCATTT GGTGGACCAG CTGGCGGTGA	1560
	CGGTGGTAAA GGTGCTTCAG TCGTATTTGA AGTGGATGAA GGTTTAAGAA CGTTATTAGA	1620
15	TTTTAGATAT CAACGTCATT TTAAAGCAAG CAAAGGTGAA AATGGCCAAA GTAGTAATAT	1680
	GCATGGTAAA AATGCGGAAG ATTTAGTATT AAAAGTTCCA CCTGGTACAA TTATTAAAAA	1740
	TGTTGAAACA GACGAAGTGT TAGCAGATCT TGTGAAGAT GGTCAAAGAG CTGTAGTAGC	1800
20	GAAGGGCGGT CGAGGTGGCC GAGGTAATTC ACGTTTGTCA ACACCTAGAA ACCCTGCACC	1860
	TGACTTCAGT GAAAAAGGTG AACCAGGTGA GGAATTAGAT GTATCTTTAG AATTGAAATT	1920
	ATTAGCTGAT GTAGGATTAG TAGGTTTCCC TAGTGTGGGT AAATCGACTT TATTATCTAT	1980
25	CGTTTCAAAA GCTAAGCCTA AAATGGGGC ATATCATTTT ACAACGATTA AACCAAATCT	2040
	AGGTGTTGTT TCAACGCCTG ATCAACGTAG TTTGTTATG GCAGATTTAC CAGGTTTAAT	2100
	TGAAGGTGCA TCTGATGGCG TTGGATTAGG ACATCAATTT TTAAGACATG TAGAGAGAAC	2160
30	AAAAGTTATT GTTCACATGA TTGATATGAG CGGTTCTGAA GGTAGAGAAC CTATTGAAGA	2220
	TTATAAAGTC ATTAATCAAG AATTAGCTGC GTACGAGCAA CGTTTAGAAG ATAGACCTCA	2280
35	AATCGTAGTA GCTAACAAGA TGGATTTACC TGAATCACAA GATAATTTAA ACTTGTTTAA	2340
	AGAAGAAATT GGCGAAGATG TGCCAGTTAT TCCAGTTTCA ACAATAACGC GTGATAATAT	2400
	TGATCAATTA TTATATGCAA TAGCAGATAA ATTAGAAGAA TATAAAGATG TTGACTTCAC	2460
40	AGTTGAAGAA GAGGAGTCAG TTGGCATTAA CCGAGTATTA TATAAACATA CACCGTCACA	2520
	AGATAAATTT ACAATTTCAA GAGATGATGA TGGTGCTTAT GTGGTAAGTG GTAATGCTAT	2580
	TGAAAGAATG TTTAAAATGA CTGACTTTAA CAGTGATCCA GCAGTACGTC GATTTGCTCG	2640
45	TCAAATGCGT TCGATGGGTA TTGATGATGC GCTTAGAGAA CGTGGTTGTA AAAATGGTGA	2700
	TATCGTTAGA ATTCTTGGCG GAGAATTTGA ATTCTTTGAA TAGGAGCGAA ACATGATGGA	2760
	CAATAAAGAT TATAAAAAGT TTTATTTAAT TAGAGAAGAT GTCTTGCCCTG AATCCGTGGT	2820
50	TAAAACATTG AAGATTAAAG ATGCCTTAAA AAGTGATCCG ACATTGTCCA TTTATGATGC	2880
	CGTTAAACAG TTGATCTAT CTAGAAGTGC TTTTATAAAA TATAGAGAAA CGATATTTCC	2940

55

## EP 0 786 519 A2

	TGTTGGTATG TTGGCACGTG TACTAGATGT TATATCAAAG TTAGAACTAT CTGTATTAAC	3060
	GATTCATCAA AGTATTCCAA TGGAAGAAAA AGCAACAATA ACATTATCAC TGAATGCTAA	3120
5	ATCTAAAGAA ACTTCAGTAG AAGATGTTAT TGGCGCTTTG AGAAATTTAG ATTATGTATC	3180
	AAAAGTAGAA TTAATTAGTA TGAGTATGTA AGGATGTGCC TATAATGTAC GCGTATGTCA	3240
10	AAGGTAAGTT AACACATTTA TATCCTACAC ACGTAGTTGT TGAAACTGCT GGTGTTGGTT	3300
	ATGAAATTCA AACACCAAAT TCTTATCGTT TTCAAAGCA TCTAGATCAT GAAGTTTTAA	3360
	TTCATACATC TTTAATTGTT CGTGAAGATG CACAATTATT GTATGGATTT AGTAGTGAAG	3420
15	AAGAGAAAGA TATGTTCTTG AGTTTAAATTA AAGTTACTGG TATTGGTCCG AAATCAGCTT	3480
	TAGCTATTTT AGCGACAAGT ACGCCTAATG AAGTAAAACG TGCCATTGAA AATGAAAATG	3540
	ATACGTATTT AACTAAATTC CCAGGAATTG GTAAGAAAAC GGCAAGACAG ATTGTCTTAG	3600
20	ATTTAAAAGG TAAAGTGAAA ATTACTGAAG AAGATAGCGA TTCATTATTA CAAGTAGACG	3660
	CTACTTCGAC GGTGCAAGAT CAATTCGTGC AAGAAGCAAT GTTAGCGTTA GAAGCATTAG	3720
	GTTATTCTAA ACGAGAGCTT GCAAAAGTTG AGAAAACGTT AAATAAAAAT AAATATGACT	3780
25	CAGTTGATGA AGCTGTTAAG GCAGGTCTTC AATTAGTTGT ATCTTAATTT TAAATAGATT	3840
	AATAGGGGAA GTGTTGTCAT GAATGAGCGT ATGGTTGATC AATCAATGCA TAGTGAAGAA	3900
	ACTGATTTTCG AATTGTCGCT TAGACCTACG AGATTACGAC AATATATTGG TCAAAATTCA	3960
30	ATAAAAAGTA ATTTAGAAGT ATTTATTAAA GCGGCTAAAC TTCGTCATGA ACCATTAGAT	4020
	CATGTATTGC TTTTGGCCCC CCCTGGATTA GGTAAGACAA CATTATCTAA TATCATTGCC	4080
	AATGAAATGG AAGTTAATAT ACGTACAGTA TCAGGGCCTT CATTAGAAAG ACCTGGTGAT	4140
35	TTGGCTGCAA TTTTATCAGG ACTTCAACCT GGAGATGTTT TGTTTATTGA TGAAATACAC	4200
	AGACTGAGTA GTGTTGTTGA AGAAGTGTTA TACCCTGCAA TGGAAGATTT CTTTTTAGAT	4260
	ATTATCATTG GTAAAGGCGA TGAGGCTAGA AGTATCCGTA TCGACTTACC TCCATTCACT	4320
40	TTGGTAGGTG CAACAACGCG AGCTGGCAGC TTAACAGGTC CACTAAGGGA TCGATTTGGT	4380
	GTGCACTTAA GATTAGAATA TTATAACGAA TCAGATTTAA AAGAAATCAT TATTAGAACA	4440
45	GCTGAGGTTT TAGGCACAGG TATTGATGAA GAAAGTGCCA TTGAACTTGC TAAACGTTCT	4500
	AGAGGGACTC CAAGAGTAGC AAATCGACTA TTGAAGCGGG TAAGAGACTT CCAGCAAGTG	4560
	AATGAAGATG AACAAATATA CATTGAAACA ACGAAGCAGC CATTAGGTTT ACTTCAAGTT	4620
50	GATCAACACG GACTAGATTA CATTGATCAT AAAATGATGA ACTGTATTAT TAAGCAGTAT	4680
	AATGGCGGAC CTGTTGGTTT AGATACGATT GCCGTAACAA TTGGTGAAGA ACGTATTACA	4740

55

## EP 0 786 519 A2

GGCAGAAAAG CAACACCATT AGCTTATGAA CATTTTGCAA AGTCGAATGA GGAGAGAGAA 4860  
 5 TAACGTGAAT ATTGAAGAAT TTGACTATGA CTTACCAGAA TCATTAATTG CTCAAACGCC 4920  
 TTTAAAAGAT CGTGATCATA GTCGTTTATT AGTCATGGAT AGAGAAACTG GTGAAATGAA 4980  
 ACATTTACAT TTCAAAGATA TCATTGAGTA TTTTAGACCT GGTGATACAT TAGTGCTTAA 5040  
 10 CGATACCGGA GTAATGCCAG CTAGACTTTT TGGTTTAAAA GAAGAAACTG GTGCAAAAGT 5100  
 TGAAATGTTA ATGTTAACTC AAATTGAAGG TAATGATTGG GAAGTCTTAC TGAAACCAGC 5160  
 TAAGCGTATT AAAGTTGGTA ATAAATTGAA TTTTGGTAAT GGCAAAATTA TAGCTGAATG 5220  
 15 CATAAAAGAA ATGGATCAAG GTGGACGCAT CATGCGTTTA CATTATGAAG GTATTTTACA 5280  
 AGAAAGATTA GATGAATTAG GGGAAATGCC ACTGCCACCA TACATCAAAG AACGTTTAGA 5340  
 TGATCCAGAT CGTTATCAAA CAGTTTACGC TAAAGAAAGT GGTTCAGCGG CAGCACCAAC 5400  
 20 AGCAGGATTA CATTTTACTG ATGAGTTATT AATTGAAATT AAAAATAAAG GTGTTAATAT 5460  
 CGCATTTGTT ACATTACATG TTGGGTTAGG TACGTTTAGA CCGGTGAGCG TAGACGATGT 5520  
 GAATGACCAC GAAATGCATA GTGAATATTA TCAAATGACm CAAGAAACAG CTGATTTATT 5580  
 25 AAATGATACT AAGcCAAAGG ACATCGCATT ATATCAGTTG GTACAACCTC AACACGTACA 5640  
 CTTGAAACAA TTCGACGCGA TCATGATAAA TTTGTTGAAA CGAGTGGCTG GACTAATATA 5700  
 TTTATTTATC CAGGATTTGA TTTTAAAGCA ATTGATGGCC AGATTACTAA TTTTCATTTA 5760  
 30 CCAAATCAA CATTAGTTAT GCTAGTATCA GCGTTTAGTA GTCGTGAAAA TGTCTGAAT 5820  
 GCTTATAAAA CGGCAGTAAA TTTAGAATAT AGATTCTTTA GTTTTGGCGA TGCAATGTTA 5880  
 ATTATATAAA AAGAATGTGA GGATTTTGAA TATGCCTGCA GTAACATACG AACACATTAA 5940  
 35 AACTTGTAAG CAATCAGGTG CGCGTTTAGG TATCGTGCAC ACACCACACG GTTCATTTGA 6000  
 AACACCTATG TTTATGCCAG TTGGTACTAA AGCAACCGTT AAAACAATGA GTCCAGAAGA 6060  
 40 GTTAAGACAA ATTGAAGCAA AAATCATTTT GGGCAACACA TATCATTTGT GGTACAACC 6120  
 CGGAAATGAT ATTATCAAAC ACGCTGGGGG ATTACATAAA TTCATGAATT GGGATGGTCC 6180  
 GATTCTTACA GATTGAGGCG GTTTCCAAGT GTTTAGTTTA AGTAATTTAC GTAAAATTAC 6240  
 45 AGAAGAAGGC GTGGAATTTA GACATCATAC TAATGGGTCT AAATTATTTT TGAGTCCTGA 6300  
 GAAATCAATG CAAATTCAAA ATGATTTAGG ATCTGATATT ATGATGGCAT TTGATGAATG 6360  
 TCCACCGATG CCTGCTGAAT ATGATTATGT AAAAAATCT ATTGAACGTA CAACACGTTG 6420  
 50 GGCGAAAAGA TGTCTAGATG CACACCAAAG ACCTGAAGAT CAAGCATTGT TCGGCATTAT 6480  
 ACAAGGTGGC GAATATGAAG ATTTAAGAGA ACAAAGTGCA AAGGATTTAG TAGAATTAGA 6540

55

EP 0 786 519 A2

	AATGGTTGAA CATAcAGAGC AGTTTATGCC TAAAGATAAA CCAAGATATT TAATGGGTGT	6660
	AGGATCTCCa GATGCGTTAA TCGAATGTAG TATTCGCGGC ATGGATATGT TTGATTGTGT	6720
5	CTTACCGACA CGTATTGCCA GAAATGGTAC TTGTATGACA TCGCAAGGTC GTTTAGTTAT	6780
	TAAAAATGCA AAATTTGCAG ATGATTTAAG ACCGTTAGAT GAGAATTGTG ACTGTTATAC	6840
	ATGTCAAAAC TATTCAAGAG CGTATATACG TCATTTAATC AAGGCAGAGG AAACTTTTGG	6900
10	TATTCGTCTT ACTACTATTC ATAATTTACA TTTTCTGCTA AAATTAATGG AAGATATAAG	6960
	ACAAGCCATT CGAGAAGATC GTCTTTTAGA TTTCAAAGAA GAATTCTTCG AGCAATATGG	7020
15	ATTAAATGTT GAGAACCCAA AAAACTTTTA AGCAAGAGGA GCGTATAAAA TGCAATTTTC	7080
	ATTACTAATA TATATAGTCG TAATTTTGC GGTATGTAT TTCTTGATGA TCAGACCACA	7140
	ACAAAACTG TGCGAAACA	7159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 303:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3159 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 303:

30	TCCATTTATA GAAATTTCTA AAGCAGAnAA TAAGATAGAA GATATCGGCC AAGGTGCAGA	60
	AATCATCAAA AGAACACAAG ACATTACTAG CAAACGATTA GCTATAACTC AAAACATTCA	120
35	ATTTGATTTT GTAAAAGATA AAAAATATAA CAAAGATGCC CTAGTTGTTA AGATGCAAGG	180
	CTTCATTAGC TCTAGAAcAA CATATTCAGA CTTAAAAAAA TATCCATATA TTAAAAGAAT	240
	GATATGGCCA TTTCAATATA ATATCAGTTT GAaAACGAAA GACTCTAATG TTGATTTAAT	300
40	TAATTATCTT CCTAAAAATA rAATTGATTC AGCAGATGTT AGTCAGAAAT TAGGCTATAA	360
	TATCGGCGGA AACTTCCAAT CAGCGCCATC AATCGGAGGC AGTGGCTCAT TCAACTACTC	420
45	TAAAACAATT AGTTATAATC AAAAAACTA TGTTACTGAA GTAGAAAGTC AGAACTCTAA	480
	AGGTGTTAAA TGGGGAGTGA AAGCAAATTC ATTCGTTACA CCGAATGGTC AAGTATCTGC	540
	ATATGATCAA TACTTATTTG CACAAGACCC AACTGGTCCA GCAGCACGAG ACTATTTCGT	600
50	CCCAGATAAT CAACTACCTC CTTTAATTCA AAGTGGCTTT AATCCATCAT TTATTACAAC	660
	ATTGTCACAC GAAAGAGGTA AAGGTGATAA AAGCGAGTTT GAAATcACTT ACGGCAGAAA	720
	CATGGATGCT ACATATGCTT ACGTGACAAG ACATCGTTTA GCCGTTGATA GAAAACATGA	780

EP 0 786 519 A2

	AAAAATTAAA	AGCATCACAC	CTAAGTAAAC	AGTTCaATCA	TCTTAAAAAA	TCCTGGGACA	900
	CTTCATACTT	GTCTCAGGAT	TTTTTmACAA	ATTGAATCAG	CCTCATAACA	TTAAATTATT	960
5	TTATCGTACA	TTAAATTTAA	TAATAACAAC	TGATTTTAT	AAGAATAAAG	TATCGAmCCA	1020
	TAGTAGATAC	ACAAATAATA	CAAATGAAAC	AATTTAACTT	GAAAGCTTaa	ATAAATATTA	1080
	TCAAGTTAAT	AAACAATTAA	TTTTTAGATG	GATTCATCAA	AAATCGTAAA	AAAGCACAAT	1140
10	TTGTATTTTA	CAAACATTAA	TTAAAAAAGA	AAGCAAGACA	TTCGTGCAAT	CGGTTACCTT	1200
	AAATTGTTTA	CAACTGTCAA	CAATACCAAG	GTTTATTAA	CTATATTTCT	CACAAAATTA	1260
15	GCTTTTAGCA	TTCCAAACAA	AAAAGGTTAA	ATCGAACGGA	ATTATGGCAT	TTTTAACTTA	1320
	ATTGTAAAAA	AAGTTGATAA	TGGTCAATTG	TTAATGAACA	GTTAATTATA	ATAACGCCCA	1380
	AAATATATTA	TTATTTAATT	AAGTTAAATA	AAATTATAGA	AAGAAAGTGA	AACTTATGCT	1440
20	TAAAAATAAA	ATATTAACTA	CAACTTTATC	TGTGAGCTTA	CTTGCCCCCTC	TTGCCAATCC	1500
	GTTATTAGAA	AATGctAAAAG	CTGCTAACGA	TACTGAAGAC	ATCGGTAAAG	GAAGCGATAT	1560
	AGAAATTATC	AAAAGGACAG	AAGATAAAAC	AAGTAATAAA	TGGGGCGTGA	CTCAAAATAT	1620
25	TCAATTTGAT	TTGTAAAGG	ATAAAAAATA	TAACAAAGAT	GCTTTGATAT	TAAAGATGCA	1680
	AGGATTCATT	AGCTCTAGAA	CAACATATTA	CAACTATAAA	AAAACATAATC	ATGTTAAAGC	1740
30	TATGCGATGG	CCATTCCAAT	aTaATATTGG	TTAAAAACA	AATGATAAAT	ATGTTTCTTT	1800
	AATTAATTAT	TTACCTAAAA	ATAAAATTGA	ATCTACAAAC	GTGAGTCAGA	CATTAGGATA	1860
	CAATATCGGT	GGTAATTTCC	AATCAGCCCC	ATCACTCGGT	GGTAATGGAT	CATTTAACTA	1920
35	TTCTAAATCG	ATTAGCTATA	CACAACAAAA	TTATGTAAGT	GAAGTAGAAC	AACAAAACCTC	1980
	AAAAAGTGTT	TTATGGGGCG	TCAAAGCGAA	TTCAATTCGCC	ACTGAATCAG	GTCAAAAATC	2040
	AGCCTTTGAT	AGCGATTTAT	TTGTAGGCTA	CAAACCTCAT	AGTAAAGATC	CTAGAGATTA	2100
40	TTTCGTTCCA	GACAGTGAGT	TACCACCTCT	TGTACAAAGT	GGATTTAACC	CTTCATTTAT	2160
	CGCCACAGTA	TCTCATGAAA	AAGGTTCAAG	CGATACAAGC	GAATTTGAAA	TTACTTACGG	2220
	AAGAAACATG	GATGTCACTC	ATGCCATTAA	AAGATCAACG	CATTATGGCA	ACAGTTATTT	2280
45	AGACGGACAT	AGAGTCCATA	ATGCATTTGT	AAATAGAAAC	TATACTGTGA	AATACGAGGT	2340
	CAATTGGAAG	ACTCATGAAA	TCAAGGTGAA	AGGACAGAAT	TGATATGAAA	ATGAATAAAT	2400
	TAGTCAAATC	ATCCGTTGCT	ACATCTATGG	CATTATTATT	ACTTTCTGGT	ACTGCTAATG	2460
50	CTGAAGGTAA	AATAACACCA	GTCAGCGTAA	AAAAAGTCGA	TGACAAAGTT	ACTTTATACA	2520
	AAACAACAGC	CACAGCAGAT	TCTGATAAAT	TTAAAATTTT	ACAGATTTTA	ACATTTAATT	2580
55							

ACTCAGGCTT TGTGnAACCT AATCCTAATG ACTATGACTT TTCAAAATTA TATTGGGGAG 2700  
 CTAAATACAA TGTATCTATA AGCTCACAAT CTAATGATTC AGTAAACGTC GTTGATTATG 2760  
 5 CACCAAAAAA TCAAAATGAA GAGTTTCAAG TTCAAAATAC TTTAGGCTAT ACATTTGGTG 2820  
 GTGACATTAG TATCTCTAAT GGTTTATCTG GTGGACTTAA TGGAAATACA GCTTTTTCTG 2880  
 AAACAATTAA TTATAACAA GAAAGTTACA GAACAACATT AAGTCGCAAC ACAAATTATA 2940  
 10 AAAATGTTGG CTGGGGAGTT GAAGCACATA AAATTATGAA TAATGGTTGG GGACCTTATG 3000  
 GAAGAGATAG CTTCCACCCA ACATATGGTA ATGAACTCTT CTTAGCTGGC AGACAAAGCA 3060  
 15 GTGCATACGC TGGCCAAAAC TTCATAGCGC AACACCAAAT GCCATTATTA TCTAGAAGTA 3120  
 ACTTCAATCC AGAATTTTTA AGCGTACTAT CACACAGAC 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 304:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3821 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 304:

GCAAAAACCTT TTCTCCAACCT ATGTCAGACT ATAATGGCAT GAACAAAATT GATATGATGA 60  
 30 ATCAAATTAA AGTTGATACG ATGTTGCATG GTTATCACGC TGGATTTTTA TTTGCATTAT 120  
 TGATTACAGT TGTTAGTTTC TTTTGTTTAT TTATGTTACA AGGTAAGAAA AAAGAAGTTG 180  
 35 ATTCTCGTCA ATAAATATAA GTTGCTAGCT ATATAAGCT TTTTAGCAAA AGTTCAACAT 240  
 ATTGACTTAT CCGGCATTTT AGATTAAAAT ATTTTATTTC CGATTAGAAT AATAAGAATA 300  
 AGGAGATATA TTCTATGAAA AGACTTTTAT TTGTGATGAT AGCTTTCGTT TTCATATTGG 360  
 40 CTGCATGCGG AAACAATTTC TCGAAAGACA AGGAAGCTAG TAAAGATAGC AAGACAATTA 420  
 ATGTTGGGAC TGAGGGGACT TATGCACCAT TTAGTTTCCA CGATAAAGAT GGTAAATTAA 480  
 CTGGTTACGA TATTGATGTT ATTAAAGCAG TGGCTAAAGA AGAAGGTTTA AAACTTAAAT 540  
 45 TTAATGAAAC TTCTTGGGAT TCTATGTTTG CAGGTTTAGA CGCAGGGCGT TTTGATGTAA 600  
 TCGCGAACCA AGTAGGTATT AATCCTGATA GAGAAAAGAA ATATAAATTT TCTAAGCCTT 660  
 50 ACACATTCTC AAGTGCTGTT TTAGTTATTC GTGAAAATGA AAAAGATATT AAAGATTTTG 720  
 ATGATGTTAA AGGTAAGAAG TTAGCACAAA CATTACATC TAATTATGGT AAATTAGCTA 780  
 AGGATAAAGG TGCTGATATT ACAAAGTTG ATGGCTTTAA CCAATCAATG GATTTATTAT 840

## EP 0 786 519 A2

	AAAAACCTAA	TGcTAAGATC	AAAGCAATCA	AAGGTAATGC	TGAACAAAGT	AGATCTGCAT	960
	TTGCATTTTC	TAAAAAGCA	GATGATGAAA	CAGTTCAAAA	ATTCAATGAT	GGCTTGAAAA	1020
5	AAATCGAGGA	AAACGGTGAA	TTAGCTAAAA	TAGGTAAGAA	ATGGTTTGGT	CAAGATGTTT	1080
	CTAAATCTAA	ATAGCGAACA	ACAACATGCG	CTAGATGCTG	CAAAACAAGC	TTTCGGACCT	1140
10	ATGCTAGAAG	GTTTGGTCAA	ATATTCAATT	CCTATTACAT	TAGTTACATT	TGTTTTAGGA	1200
	TTGATTATTG	CATTATTTAC	AGCATTAAATG	CGAATTTCAA	CGAGTAAAT	TTTAAGAAGT	1260
	ATTTACAGTG	TCTATGTATC	TATTATTCGA	GGAACACCAA	TGATAGTACA	ACTATTTATC	1320
15	ATATTTTATG	GTATTCAGCA	ATTAGGTAGA	TTATTAACAA	ATGACGCTGA	CAACCAATGG	1380
	ACATTGGCAC	CTGTAGTGGC	TGCTATTATT	GGTTTATCAT	TAAATGTAGG	TGCGTATGCT	1440
	TCGGAAATTA	TTCTGTGGCG	TATTATTTCT	ATACCGAAAG	GACAAACAGA	AGCTGCATAT	1500
20	TcCaTCGGTA	TGACGTATGG	TCAAACGATA	CAACGTATCA	TTTACCGCA	GGCAATTCTGA	1560
	GTGTCGATTG	CTGCACTAGG	TAATACATTT	TTAAGTTTAA	TCAAAGATAC	ATCATTATTIA	1620
	GGATTTATTT	TAGTGGCTGA	AATGTTTAGA	AAAGCTCAAG	AAGTTGCGTC	TACAACATAT	1680
25	GAATATTTAA	CAATTTATGT	GTTAGTTGCG	CTAATGTACT	GGGTGGTATG	CTTTATTATT	1740
	TCAATTATCC	AAGGTATCTA	TGAATCTTAT	ATTGAAAGAG	GGTATCGCTC	ATGATTCAAT	1800
30	TGAACAATAT	CCATAAATCA	TTTAATGATG	TTGAAGTCAT	CAAAGGTATT	GATTTATCTG	1860
	TTGAACAAGG	TGAGGTTGTA	ACCTTAATCG	GTCGATCTGG	TTCAGGTAAA	ACAACATTGT	1920
	TACGTATGAT	TAATGCATTA	GAAATTCCAA	CTGAAGGTAC	AGTTTATGTT	AACGGCAAAA	1980
35	CATATACATC	TAAAGATAAA	AAATCACAAA	TAGAAGTTTCG	TAAACAGTCT	GGTATGGTAT	2040
	TTCAAAGTTA	TAACCTTTTT	CCGCATAAGA	CGGCATTAGA	AAATGTAATG	GAAGGTCTTA	2100
	TCAcAGTTAA	AAAGTTGAAA	AAGGATGAGG	CACGTGGGAA	ATCACTTGAG	TTACTTGAGA	2160
40	AAGTTGGTTT	AACACATGTC	AAAGATCAAC	GTCCACATGC	ATTATCAGGT	GGTCAACAAC	2220
	AACGTGTTGC	TATTGTCAAG	AGCACTAGCA	ATGAACCCTA	AAGTGATGTT	GTTTGATGAA	2280
45	CCAACATCTG	CACTTGATCC	TGAACCTGTG	AATGATGTTT	TAAAGGTTAT	TAAAGATTTG	2340
	GCTAATGAAG	GCATGACAAT	GGTCATTGTG	ACACATGAAA	TGCGTTTTGC	TAAAGAAGTA	2400
	TCTAATAACA	TTGTATTTAT	TcmTGAAGGC	ATGATCGGAG	AACAAGGGGC	TCCAGAAGAG	2460
50	ATGTTCAATC	GTCCGAAAAC	AGAAGAATTA	AGACGTTTCT	TAAATGTTAT	AAATGAAGAA	2520
	TAATCAAATA	GAACCACGTA	TCATGTTTTA	GTATGGCGAT	GAAGCCATAT	ACATGATGCG	2580
55	TGGTTCTTTG	TTATGTTGTC	ATAATCTTGG	AGCGATATTT	TAACGACGTT	TATGATTTAA	2640



EP 0 786 519 A2

5  
10  
15  
20  
25  
30  
35

TTCTACATGT	GCGTTAAAC	CTTTTTTGAA	TTGTTGGACG	CCATAGTCTT	CTGATGACTC	2760
TGAAAAGTCA	CCGTAATAC	CATAAAATT	ATAGCGATCA	ATATGATGCG	CTTTAGCAAA	2820
CTTAATCATT	TCCCactGCA	AATGGTAGGC	ACCCATATAA	GCATTATATT	TAGGGTTTGA	2880
ACCACTAGAT	AAGTAATAAA	CTTCATGCTC	ATTGTAGATA	AATAAAGCAG	AAGCTAAGTT	2940
TAAGACTGCA	CCATCTTGTT	CAATTTGTTT	TATTGTATTG	TCGATTTTAC	GCTTATTGCT	3000
ATTTAGCTGT	TGTTCTAGCT	GTGTGCGTTT	CGTTTTATTT	TTCTTTGAAT	TAGGACTTTC	3060
TTCCAATGCT	TCTTCAACAC	CTGAGAGTTC	AGCTGTTAAT	TGTTGTTGCT	TTAATTGTAA	3120
CGTTTTTAAA	TACTCGTTTA	AATCAATATA	CGCCAACTTT	AACATGGCGT	GGTCATCGTA	3180
TAACTTTTGC	ATTTCTTCAA	AGTATGGTAA	CTCACGGAAT	TTGAAACCGT	GCTTTTCCTC	3240
AGCCATATGG	AATAAGTCGA	AAAAAGTTTG	CGTTTCATCA	ATCGTTAAcG	TTTTaGTTTT	3300
GACACCAaTa	TCaTATGtT	tTtTAATATT	ACGTCTCGtT	TGATAATCCA	TTTCTTTTAA	3360
AAGTTGGTCT	TCAGTCTTAT	CTTTTAAATC	TAACACTGAC	AGCCAACGGA	TTTGGCTCAT	3420
TGAATCATAA	CCTACAGGGA	AACCTTGGTG	TTTATAACCT	AATTTATCCA	TTGTTCTaAC	3480
AAATGCTCGG	TTATCATAAG	ATTTAACAAT	TTCACCGTCT	GCATTGCGTA	AATTTTCAAT	3540
TAAATATGGA	TCTACAAGGA	CATATAAACA	ATTGTGTTTC	TTTAAATATG	ACGTTAATGC	3600
TTTAAAGAAA	AATGCTACTA	ATGATTGATT	TGTATAATCC	ATCACTGGCC	CGCGATGTGT	3660
ATAAAAATAT	TTGAAAAATT	TAAGTGTCG	TGCTTCTGTC	AATAAGCATC	CTGCAATCAC	3720
TTGACCATTG	TCATCTTTAA	CCCCTACrAG	ATGCACATCG	CCTTTTAAAT	CAACTCTATG	3780
ATTGTAATGA	ATAGCTGATT	GTGTGTAATG	TGAAAAATGC	T		3821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 305:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1422 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 305:

50  
55

GCGACACCAT	TGTTTGACG	AACTGTTAAT	TTACCAGTTG	ATGGTTTCGA	CGGTGTTGTT	60
GGTTTTGATG	GTGTAGTAGG	GGTAGTTGTA	GATTGCGTAC	CCCATGGCGC	CACTTTACCC	120
ATTTTTATTA	AATATTTTTC	ATTAATTAAG	TCATATAATT	GATCATAACT	ATAATTATGA	180
CTTCTTAAAT	ATCCATGTGG	ATcGGCATGG	TCAGTACCAC	CTAAATATTT	ACTTACAGCG	240

TATTGTAATT GTGTAGCTGC ATAGTCAGCA TAGTTATTCA TTGAACGTGC AAATGAAGCA 360  
 TAGTCGTGTG TGTGTACGAT TTCAACATTG ATGAATCTAG GGTTACCGAC TGCACCGACA 420  
 5 CCCCAGATA AGTAATCCGT TGGTGCTGTT TCGATTATAC GATCCCCATC AACAAATGCA 480  
 TGTACGAATG CGTTTTGATA GTTATTTTTTC ATATAACTAA TTTCAACCATT TATCGTCGAA 540  
 CGATCATTAG CTGTATCATG AACTACGATA CCTTCAGGAC GACCTACGCC GTTACGGTAT 600  
 10 GCGTATTTAG GGAAGTAAGA TGTATAATCT TCTTCAATTT TAGGTGCTTT TAAGTTATTT 660  
 TTACAAATGT AATCGTTAAT TGAAGAGTTT ACTTGTGGTT TATATTTTGG CAAACTCGTT 720  
 TTTGGTGTG CAGCAACTGA TCTTGGTTGT GCTGAAGCGC TAAAAGTAGT TACTTTAGGT 780  
 15 GTCGCTTCAG TTTTAGCTTT AGGTGCTGAT GTAGTTGCAG CTTTAGGTGC TCGCGTTTGA 840  
 TATTGCGTYT CAAGAGCTGC AGGTTTAGCA GCTGATTTAA TTAATTCTGG ATTAATTGAA 900  
 20 TTTTCTGAAT TATCATCTTC ATCATCAACT AACTATAAC CAGCATTGT AACATTAGTG 960  
 TTAGTTTTAG GTGCTGTAGT GCTTGTGAC TTTGCAACAG GCTGCGTATT ATTTGTAGTC 1020  
 GCTGATTGAT TAGCACGAGT GTCACCATTT ACTTGTGCAG TATCAACTTT TTGACTTACT 1080  
 25 TGAGCATTGC CTGTTTTGTT ATTTGCTGTT TTTGGTTGGA CAATAGCAGG GTCTTGATAT 1140  
 ACTTGAGTGC CAGAAATGTT TTGCGTTGGA TTTTTTACCT CAGCTTTTGC TTGTTCACTA 1200  
 GTTGCTTTAA CTTTATTACT ATCTAAAACG TTTTATTAG TAGTTTGATC TTGTGTGCTC 1260  
 30 TCAGCTGCTT GAACTTGATG TGCACTGACT GCTGAACCTA CAAGCGTTAA TGCAACCATT 1320  
 GAGGTAGTTT GTAATTGAAT TTTTTCGCCA TTCTATTAT TACTCCyAAC ATTTATTAAT 1380  
 35 TATtACTAAC ATTATAGTAC CTGtTTTATA TACCTGTGCG TA 1422

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 306:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6076 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 306:

ACGCGTTGGT TATTTCAATC ATAATATTAC TCTGCAAATA CACAGCCCTG TAACCGAGTA 60  
 AATGGATAGA GATTTGAACA AATGAAAACA ATCAACTAAT GGAAAGGATA AAATATTATG 120  
 50 CACAACAATA ATGAATTCAA CAAAAACTG AAAGATTTTA TAGGTAGCGA TAAACGGATG 180  
 GCTTTAGTAA AGGGTTATGT TAACGAGTAT AAATTAACAA CTGTTTTAAG AGCTTTAAAT 240

	GTAGATAATC GAATTATTCC TAAAAATATA ACTCAAACA CAATCTTCAA ATTGAGTAAT	360
	TTAACCTTAG AGGTAAACCT CTATGAAAGA AACACAATTT ATCACGGAGA CTTTGCTATT	420
5	TACTATCCTG TAGAATCTGC TCTAATAATA GAAACAGATA CTCCTAGGCT AATTAATCAT	480
	ATAAATAACA ACCCAGTCCA AAAAATATTT ATAATAACAA CAAATGACTG GAGCTTTAAT	540
10	ACACTTGaAT TAGAAAAAAT AGTAGACGAA ACTATAATTT ATGATTTAAA ACAAGAAGAT	600
	CCTAAACAAT ATGAAATTTT ATATAAAAAT AAACACGGAA AATTGCCTTA TTGATGAATT	660
	AAAACGCAAA CTTAGAACAC CTTACCCCTT TTCCGTCCTT ATTGTAATTT TCCAACACT	720
15	CAAATTTAAA ACCACCCGTG CAAACAGGTG GTTTTATTAT ATATAATTAT TCCCACTCAA	780
	TTGTGCTTGG TGGTTTTGAT GTAATGTCAT AGACTACGCG GTTGACGTGA TCTACTTCGT	840
	TTACGATACG ACTAGAAATC TTTTGTAAGA CTTCCTCAATC GATGCGTGCG AAGTCACTTG	900
20	TCATACCGTC GATAGATGTT ACTGCACGAA TACCTACTGT GTGATCATAC GTACGGTAGT	960
	CTCCCATAAC ACCTACTGAT TGAATGTTTG GTAACACTGT GAAGTATTGC CAAATTTCTC	1020
	TTTCAAGACC TTCTTCTCTA ATCACTTGGC GTAAAAATCGC GTCTGATTCT CTAACGATTT	1080
25	CTAGTTTATC TTCAGTAATT TCTCCAAGTA CACGAATACC AAGACCAGGT CCTGGGAATG	1140
	GTTGTCTCCA TACTAAATGT TCTGGAATAC CTAACCTCAAT ACCTAATTTA CGTACTTCAT	1200
30	CTTTAAACAA TGTATTGATT GGTTCGATTA ATTCGAATTC CATGTCCTCT GGTAATCCAC	1260
	CAACATTGTG GTGTGATTG ATTGTTTGTG CTGTTTTAGT ACCTGATTCTG ATGACGTCTG	1320
	TATATAGTGT TCCTTGCGCA AGGAAGTCTA CACCTTTTACG TTTTGATGCT TCATCATCAA	1380
35	ATACGTATAC AAATTCATTA CCAATGATTT TACGTTTTTG TTCAGGATCT GAAACACCTT	1440
	TTAATTTATT CATAAAGCGA TCTTTGCGAT TAACACGAAT AATATTCATG TTGAAACCTT	1500
	CACCGAATTG CTCCATAACC ATGTCGCCTT CACCTTTACG AAGTAAGCCA TGGTCTACAA	1560
40	AGATACATGT TAGTTGATCA CCTATTGCTT TATGCAATAG TACAGCTACA ACAGATGAAT	1620
	CTACGCGGCC ACTCATCGCA CATAATACAC GACGGTCTCC TACGCGTTGA CGAATCTTTT	1680
	CAATTTGAT TTCGATAAAG TTTTCCATTG TCCATTGACC TCTACAATCA CAAACACGAC	1740
45	GGACAAAATT ATTTAATAAA TCATTACCAT ATTCTGTATG ACGTACTTCT GGATGGAATT	1800
	GAACACCATA AATGCGACGT TTCTTATCTT CGATTGCTGC ATAGTCTGTG CTTGGGCTAT	1860
50	CAGCGATAAC TTCAAAGCCT TCTGGAATTT CAATACTTT ATCAGAATGA CTCATCCAAA	1920
	CAGTTTGTTC TGCTGGTAAG CCAGCGAATA ACTCATCTGA CTTGCGATTA ATGATTGCTT	1980
55	TACCGTATTC ACGTTCATTG GCACGTTCAA CTTTACCACC TAATAATTTA GTAGTTAATT	2040

EP 0 786 519 A2

	TAAATGAACC TTCTTCATAA ACTGAATTTG GACCACCTGA TAAGATAATA CCTTTTGGAT	2160
	TCATTTTCTT AATTTCTTCA ATTGAAATTT CATGATCGTG TAATTCACCTA TAAACGCCCCA	2220
5	TTTCACGAAT TCGGCGTGTA ATTAATTGGT TGTATTGGCT ACCAAAGTCT AAGACAAGGA	2280
	TTAACTCTTG TTCTTTTGCC ATTTCCATAT TTGTCGTTCT CCTTTATCTT AATTAGAATG	2340
10	AGTAGTTCGG TGATTCTTTC GTAATTTGAA TATTATGTGG ATGGCTTTCT GCTAAACCAG	2400
	CAGGACCCAT ACGTGTAAT TGTGCTTCTT CGCGTAATTC TCTTAAATCG TGTGAACCAG	2460
	TATAACCCAT ACCAGCACGC ACACCGCCCCA TTAATTGGTA AATTGTATCT TGTAACGCAC	2520
15	CTTTATAAGC CGTACGTCCT TCGATACCTT CAGGAACAAA TTTCTTAGGC GCTTTGTCCT	2580
	CTTGGAAGTA ACGGTCGTTT GAACCTTTTT CCATCGCACC TAAAGAGCCC ATACCACGGT	2640
	ATACTTTATA TTGTCTACCT TGGAAAATTT CTGTTGCGCC TGGGCTTTCT TCAGTACCTG	2700
20	CTAATAAGCT ACCTAACATA ACCGCATGTC CACCAGCAGC TAATGCTTTA ATGATATCTC	2760
	CTGAGAATTT AATACCACCA TCAGCAATGA TAGCTTTACC ATGTTTGCGT GCTTCAGTtG	2820
	CACAATCATA AATTGCTGTA ATTTGTGGTA CACCAACACC TGCTACAACA CGCGTCGTAC	2880
25	AAATTGAACC TGGGCCAATA CCAACTTTAA CAATATCTGC ACCCGCTTCA AATAAACTTT	2940
	TTGTTGCTTC TGCAGTTGCT ACGTTACCTG CTAATAATGT GATTTCTGGG TAAGTCTTCT	3000
	TAATATGTTT CACTTGATCG ATAACACCTT TAGAGTGACC ATGTGCTGTA TCGATAACTA	3060
30	AGACATCCAC ACCTGCTTCG ACTAATTTTT GAGCACGAAT ATCAGTATCT TTTGAAATAC	3120
	CAATTGCTGC GGCTACAAGT AGACGACCAT GTTCATCTTT TGCTGCATTA GCGAATTCTGA	3180
35	TAACTTTTTC AATATCTTTA ATAGTAATAA GACCTTCTAG ACGTCCGTCT TTAATAATG	3240
	GTAACTTTTC AATCTTATGT TTTTGGAGAA TTTTCTCTGC TTCTTCAAGT GTTGTATTCA	3300
	CTGGAGCTGT AATTAAATt TCTTGCCTCA TTACATCTAC AATTTTAATC GAGAAGTCTT	3360
40	CAATAAACG TAAGTCACGG TTTGTAAAA TACCTACTAA GTTGCATCT TCTTTATTAT	3420
	CAACAATTGG TACACCTGAA ATACGGTATT TACCCATTAA TGCTTCTGCT TCATAAACGC	3480
	TTTCTTCTGG CGTTAAGAAA AATGGGTTTG AAATGACACC ATTTTCTGAG CGTTTTACTT	3540
45	TTTGAACTTC GTCCGCTTGT TCTTCAACGC CCATATTTTT ATGAATAACA CCTAAACCAC	3600
	CTTGACGAGC CATAGCAATC GCCATTTTAG ATTCAGTTAC AGTATCCATA CCAGCAGAAA	3660
	TAACCTGGAAT ATTTAATTTA ACTTGTCTG ATAATGTAC GCTTAAATCA ACGTCTTTTCG	3720
50	GTAAAATATC AGATTGTGCT GGAATTAATA ACACATCATC AAACGTTAAT GATTCTTTTG	3780
	CAAATTTACT TTCCACATT AAAACAGCC TCCATTTTTT AAATTAATTA GTTATATTAT	3840

55

## EP 0 786 519 A2

	GCAGAGATTG CGCCTAAAC AATTCCGTTT TGAGTCAACC ATGCAAATTG TTCACCTAAA	3960
	CCTTTAAATG CTTGTGGTAC AGCGCTTATA CCAGTACCTA AtCCTACTGA TACAGCGATA	4020
5	ATTAATAAAT TGTTTTGATT TTTAAAATCG ATATGTCCTA ATATACTAAC ACCATATGCC	4080
	ATTACCATGC CAAACATAGC TATCATCGCA CCGCCTAACA CAGGTAGCGG TATGATATTT	4140
10	GCTAATGCGC CAAGCTTAGG TATACAACCA CATATAAGTA ATAACACGAC CATGCCGTAT	4200
	ATAACATTGT TTTTCTTAGC GCCGGATAAA GAAACAAGTC CTACATTTTG CGAATAGGCT	4260
	GTATACGGAA ATGAATTGAA TATAGAACCT AACACTATCG CTAGACCTTC CGCAGTATAA	4320
15	CCTTTACGAA AATCTTTTCT TTCTAACTTC TTACCGGTAA TTCACTTAA CGCATGATAG	4380
	ACACCTGTCG ACTCAATTAA ACTAACGATA GCTACAATAA AGAACACTAA CGTCGATGTC	4440
	ACATCAAAGC TAAATCCAGA GAATCTAAAC GGCCTGCGA TGCCTAACCA ACCGGCATGA	4500
20	TTGACTTGAT TAATATCGAC CATCCCAAGT AAGCCAGCAC CTATCGTTCC TAAAACGAGT	4560
	CCAATTAATA TGGCAATACT CTTAATAAAT CCAGTTGTGA ATCTTTGTAA AAGAAGAATA	4620
	ATGATTAAATG TCATTAAACC TAACAAAATG TTCTTAACAT CTCCATAGTC CTTTGCACCT	4680
25	TGACCTCCAG CTAAGTAATT CATTGCTACT GGCATTAAAT TGATACCAAT GATAGTAACA	4740
	ACACTACCCG TTACTIONTGG TGGGAAGAAT TTTACAAGAT GTGAAAAGAA AGGCGCGATG	4800
30	ATAATAACTA ATATCCCTGA TAAAAATAGC GAACCATAAA GTACATCTAT TCCTTTCGTT	4860
	TGACCAATTA AAATCATGGG CGCAACAGCC GTGAATGTAC ATCCAAGAAC GATTGGTAAT	4920
	CCTGTTCTCG TTACTTTTATT GGCTTGTAAG AATGTGGCAA CCCCACACAT AAATATATCT	4980
35	ACTGTAACTA AGTAAGCGAT TTGTTTCAGT GTAAACTTCA AACTTGTAAC AACAAATGATT	5040
	GGAACCTAAGA TAGCACCTGC GTACATAGCT AAAAGATGTT GAACACTTAG GATTAAATTT	5100
	TTCAATTATC TTCTCCCACC AATGTCACCT TGTTTCCTTC TAGTGAAGCA ACCTTGCAGA	5160
40	GAGAAGAAAC TGTTAAACCT GCTTCTTCTA AACGTTGATG CCCATTTTGG AAACCTTTTT	5220
	CAACAACAAT ACCAATACCA GCTGTCTTAG CATTGCTTG CTGTGCGATA TCGTATAATC	5280
	CTAATGAAGC ATCACCATTG GCTAAAAAGT CATCGATGAT AAGTACAGTA TCTTCTTCTG	5340
45	ATAAAAACTC TTTTGAAACA ATGACCGTAC TTGTTTTATT TTTAGTAAAT GAATGAATAG	5400
	ATGTTTCATA ATAACCATCC GTCAAAGTGC TAGGTTTTGC TTTTTCGCA AATAAACATG	5460
50	GCACATCAAA ATGCAGTGCA GCCATGATTG CAGGTGCGAT ACCGGAAGCT TCAATGGTTA	5520
	AGATTTTAGT AATCCCTTTA TCTTTAAATT GCTCGTAAAA AGTGCGACCA ACTTCATTCA	5580
	TTAACTTTGC ATCAATTGTA TGATTTAAAA ATCCATCGAC TTTTAAAAATC TTCTCATCAA	5640

55

ATTTGTGTGA AACATTTTGC TCTTAAATTG GTGCTAGATA CAAAAAATC CCCAACTAA 5760  
 ATAATAGTTT CAGGGTTTAT GAGTGAACGa ACATGCATAA CGAATTTGTC ATGCAATCAA 5820  
 5 TGTAAGAGAA GTTTCATCAA ATAACTGTG ACCATCATAT AAAATGATAT AAATCACCCA 5880  
 CCATGGTTAC AATTTAATGG CTGAAGCTAC TCCTAGTATT GTGTTGTTAC TCATAGTCAT 5940  
 10 GTCGTTCAAG GCAACATGGT AGAACTTCT AAAGCCATAT TCTTTAGATT ATATGAGTTT 6000  
 ATGTAAATTA TTTAACGATA ATAGCAAAT TTCGGCATT TTTCAATAAC TGCTTAGGTA 6060  
 ATCTTTTAAT AGTTT 6076

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 307:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 6136 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 307:

25 ACCGCCGATT GATAGCTTTA CTGCTGCGAT AAAACTGCCT TCAACAATTG GTGCATCAAC 60  
 TTTTAACACA CGATGATTAC CATCATACAT TTCAATTGCC ATATCTACAT TCATTTCTGA 120  
 30 AGATCCAATA TCGTAAAAAC ACAATGCATC ATCCTCTAAT TTAGTCAAAA CTTCTTGGAT 180  
 GATATCAAAT GAAGTTCCAA TTGAACCATC TGGTAATCCC CCGATTGGTA TAATATCAAC 240  
 GTCACCTGCC ATTTGCTTTA ACAAAGATTT TGTACCACTT GcAATTTCTT TACTGTGGCT 300  
 35 AACAAGTATA ATTTTAGGCA TTATCTTCAT CTCCAATCAA AGCGTTTAAA ATATAAACCA 360  
 TACTTTGAGC ACCTGGATCA ATATAACCTT TTGATTCTTC TCCAAAATAT GCAGCTCTAC 420  
 CTTTCGTTGC TACCATATCT TTTGTATTAT CTGCTAATTG CTGTAAATCA TTGAATGTTA 480  
 40 AAGTTTCACC ATTTTTAAGC TTCTCTGCTG CTCGCGCTAC TACATCATAC ATTGTCTTTT 540  
 CATTTAAAGT AACTTTACCA CGTGATTCAA CCGCTTCGGC AAATGCCTGA ATTAGTGTA 600  
 TGAAATCTTG ATTATCCATA TCATCTTTGG TGAATGCAGA CATTTTAACA AAGCTAAAGC 660  
 45 CATACAGTGG TCCTGATGCA CCCCCAACAT TTGACATCAA TGCCATACCA GTTGATTGTA 720  
 ACAATGATTG CATTGAGCTA TCATCAAGTT TGTCTTTAAG ACTACTAAAC CCACGAACCA 780  
 TGTTAACCCC GTGGTCACCA TCACCAATTG CTCGATCTAA TTCAGTTAAT TCAGATTCAT 840  
 50 GTTTTTTAAA CGTTCTTCT AAATTTAATA AACGTGCTTT CATATCATT CATTTCATT 900  
 GTGCCACCTC ATAAATGTAT ATTTATTCAT ATTCACCTCT TATTTAAAGT ATTGACTTGT 960

## EP 0 786 519 A2

	ACCTTGCATG TCTAAAGATG TCATATAATC ACCAACAAAC CATTTAGCAA CATTAAACCGT	1080
	TCTTGCAGCT AAATTTTGTT GAATATATTT AGTTACGATA TTTAATTCAG ATAACGGCGT	1140
5	ACCACCCATA CCATTTACCA TTAATATGAC ATCATTGGCA GTAACCTTCTT TATACAATTC	1200
	GTCTAACAAT GTTCCAACAA TATGATCAAT ATCCTTTACT TCTTCCCTAT GAATACCTTT	1260
10	TTCACCATGT ATACCAATAC CGATTTCCAT TTTGTCGTCT TCAATATCAA AGCCATATTT	1320
	TCCAGTAGTT GGAACAAGCG GTGGCTCAAT TGCCATACCA ATACTTTTAA TTTCAGGTAA	1380
	CAACGCTTCT ACACGCGATT TTATCTCTGT TAATGAATAA CCTTTTTCAG CAAGATAACC	1440
15	GGCAAGCTTA TGAACAAACA CTGTTCTGTC AACACCACGA CGTTGTACTT CGTTTGTAC	1500
	AGCAATGTCTG TCACGAACAA TAACAGTTTG AACATTTATA CCTTCCATTT CTGCAAGCTC	1560
	TTGTGCCATT TCGAAATTCA TCACGTCACC TGCATAGTTT TTTACAACCTA GTAATACACC	1620
20	ATCACCAGTA TCTACTGCTT TAATAGCTTC TAATATTTTA TCAGGTGTAG GTGATGTAAA	1680
	TACTTCGCCA CAAACCGCTG CATCTAGCAT ACCTTCTGCA ACAAACCGG CATGCGCAGG	1740
	TTCATGTCCG CTTCCACCTC CAGAGACTAT TGCTACACCA TGTTCTTTCT TAGCTTTTTT	1800
25	TACAATAACT GTATTAGCAA TCAGATCTAA CTCTGGGTGC GCAATTAACA ATCCTTCAAG	1860
	CATATCAGTT AAAAATGTTT CTTTTTTATT GATTAACTTT TTCATCATGT TGTACCTCCT	1920
	TGGTATTATC AGTCATAGTA TAAACAGAA TAAATGAATG CGCTATCATA AAGAATTAAC	1980
30	CTGATACCGT TATCAAATAT ATTTTGTGATA AGATCCTCTT GATAACTTAA TGGTTCATTA	2040
	TTGAAAAAAT AAATAGTCTT GAGTGGCTCA TTAAATAAAA AATGCTATGA AAAGCCTTAT	2100
35	AATAAAGTGC CTTTCATAGC AATAAGTTGT GTCCATTGAC ACTATACATT TTTCGTTTTG	2160
	TACATTAAAT ATAAGAAATA CGGTGCACCA ATAATTGCTA CGACAATACC TGCTGGAACC	2220
	CCACCTGGTT GTAATACAAT TTTGCCAATT GTATCAGCTA TAACAAGTAA ACATGCCCTT	2280
40	ACTAAAATGG CAATTGGTAA AAACAACCTGG TGACGTGGTC CAACGATACG TTTGGCAATA	2340
	TGCGGACCCA TTAATCCGAT AAACGAAATT GAACCTGCTA CTGCTACAGC AGCAGATGAT	2400
	AACATCACTG CGATAAAGAA TAATATTAAA CGTTCTCTGC TTAACCTTAC ACCTAGACCT	2460
45	CGTGCAATAT TATCACCCGT ATGAATAATA TTTAGTGTAT TCGATTTAAA TAGTAAGTAA	2520
	GGAATAATAA TCAACACCCA CGGTAAAAAT GCAATGACAA ATGGCCATTC GTCACCCCAA	2580
50	ATATTACCTG CAAACCAAGC AGCGATGAAA TCAGATTGCT TATCATCAAA TTTTGACATA	2640
	ATTGTAATTG AGCCACCATA TAATGCTGTT TGTAACCTA CACCTATTAA TACCATACTC	2700
	GCAGGTGTAA CACCTTCATT TTTATTAAAA CTGAAAAATAA AAATAATCaA TGCAGTGgTG	2760
55		

	CCAATTGCAA TAAATAATGC GATTGCAAAT CCGCCACTGC GTTAATACCT AATATACCTG	2880
	GTTCAGCTAT TGGATTTTTT GTGACACTTT GCACTATTGC ACCACTAATA CTAAGCtGCG	2940
5	CCAGCCAAAA TAGTAATCAT CATCCGAGGT AACCTGAAAT CTAATAAGAT TAACTCATCA	3000
	ATGGCATCAC CTTGTCCAAT TAAAGTTTTG AAAAATCTTT CAACAGGTAT GTTGTATTCA	3060
10	CCTGAGGTAA TACTCCAAGT ACAACCTAGA AATAGTAGAA TGCTAAAAAC AGCCAGTGCT	3120
	ATCAATTGTC TGCGTTTATT ATTTGAACTA ATCATATTGA GCGTCCTCCT TTTTAACTA	3180
	AATATAAAAA GTAAGGAACA CCGATAAATG AAATGATTGC ACCAACAGGC GCTTCTCCTA	3240
15	AATATCGTGC TATCACATCG GCAACAAGCA CGAGTATCCC ACCTAACAAAG GCTGTTAATG	3300
	GTAGAATTTT AGCATAATCA GTTCCAATTA AAAATCTTGC TATATGAGGT ACCATCAAAC	3360
	CTACAAATGC AACTTGTCCA GCGATAGCAA CTGCAATACC TGCTAGAATC ATAGCAATAA	3420
20	TTAAACATAT GCCTCTGATC ATTGTTACAT TTTGACCTAA ACCTTTAGCT AATGATTAC	3480
	CAAGATTTAA AATGGTAAGT TGTTTACTAA TTGTTAATAT AATGAATAAC GCAATACCAA	3540
	TTAATGGAAT TGCCCACTTA AGGTGTGACC ATGTTGTGCC TGAAACGCCT CCAGCAGTCC	3600
25	AAAAATGTTAC TGTTTGATT AGTCTAAAAG CTAATGCAAT ACCTTGACTT AGCGCTGTTA	3660
	ACATAGCACT TACTGCTGCA CCCGCTAAAA TAATACGCAT CGGATTAAAT CCATCACGTC	3720
30	TAGATCGGCC TATCATTAAT ACAATAGCAC CTCCTAGAAT AGCACCTAAA AATCCAGCAA	3780
	ACATCAATAT TAAAAATGAA GTGTTTGGTA AAAGTGCATA TGTTAATGCT AAAGCAAATG	3840
	AAGCACCTGA ATTTAAACCT ATGAGCGCCG GATCAGCAAG ACCATTACGA GTAACACCTT	3900
35	GTATAATCGC ACCAGAAACT GCAAGCGCCA TACCTACAAT TACTGCTGCT ATATTTCTGG	3960
	GAATCCTAAT CTCATTGATG ATGTTTTGCT GTTGATTGCT AGGATTATAA TTAAAAATAG	4020
	CCTCTATAAT TGTAGAGGCT TGAATTTTGG CGTCACCTAT TAATGTAGAA ATAAATAGTG	4080
40	TGATTAGTAG TATCATACTT AAACCTATAA TATAGGATAA AAACCTCAAT GCGTTGGGT	4140
	TCTCTCTATT TGTCATGTTA ATTGTCCTTT TTATCATATT AACTTACTTA ATTAAGAATA	4200
	AGCTCTGCGA CATAAGTCAT AAGTTACCAG TAAAGGTTTT CCAGTTTATG GATCTTTACT	4260
45	TAAAACAACA TCAATATTAA AAACTTTTTC TAATATTTCC TGTGTTAATA CGTCTTCTGT	4320
	TGAACCTGTA GCGATGATAT CCCCTTCTTT CATCGCAATA AGATGATCTG AGAAACGAAT	4380
	CGCTTGGTTG ATATCATGAA GAACCATGAC AATTGTACAA CCTTGTCCTT GATTTAGCTT	4440
50	CTGAACTAAT TCTAGTATTT CTAATTGATG ACAGATATCT AAATATGTTG TTGGTTCGTC	4500
	TAAAAAGATA ATATCAGTTC TTTGTGCTAA TGCCATTGCA ATCCAAACAC GTTGTCTTTG	4560

55



	TGCCCCAATCA ATtTCTTTCT TAtCCTCAGC AgTTAATCTA CCAAATCCTT TTTGATGTGG	4680
	AAAACGACCA TATGAAACTA ATTCCCCAAC AGTTAAGCCA TCTGCTACTT CaGGTGaTTG	4740
5	aGGTAAAaTG GctATTTTTt TGcAATCyCy TTCGTAGAtt GTGtATGAAT ATTTTCACcA	4800
	TCTAAAAATA CTTCGCCTTC TTTAACTGCC AATAAACGTG ACAATGCCTT TAGCAAAGTA	4860
10	GATTTCCCGC AGCCGTTAGG ACCAATGATT GACGTCACCT TGCCATCTGG TATTTCAACA	4920
	TCTAATTTAT TTATAATCGT GTTATCCCCG TAACCAATTT TAACTTGTTG TCCATGCAAA	4980
	CGATTcATAA TTTCCCTACT TTCAATAAAA TTCTTTCTGT TTATAAAAAA TAATTTCTAT	5040
15	TTTTAAATTA TCAATTTTCA AAGACATCCC AATTGATAAT GATTATCATG AACATCATTa	5100
	TAACATTTTT CAATCTTATT GACTAACATT ACTTTTTTAA TTGGATAGCT CGATTGTGCA	5160
	TGTCTTGTAT ATTACTTTTA TAAAATAAAA AACGCCcACA GATAAGTCTT CATAGTTCAA	5220
20	AAACTTGTCC GTGGACTTCT ATTTAAGTAT GTGTGCTCAT ACCATTTATT TATTCATCTG	5280
	CAAGAAAGCC ATTACCATAG ACATCTCTTA CATCATGAAT TACGAGGAAT GCATCTTTAT	5340
	CGATTTGTTT AATTAATCGC TTTGCTTTTG AAACCTGTGT TTTAGAAATA ACAACGTATA	5400
25	AGACATCTTT TTCTTCACGC GTATAATAGC CATGTCCGTT TAAAATGGTT AAACCTCTTC	5460
	CAATTtGCTC GTCTATTGCT TTGGCAAGTT TGTCGGGATT AGTTGAAATA ATCGTCATAG	5520
30	CTTTTTTAGT GTTTAAACCT TCTATGACAT ATTCCATCAC TTTTGTTCCT ATATAAAGTG	5580
	ATATTACTGT TACTAATACT TTATCAAGTG GAATAACTGT AAGTGAAATT GCAACAACGA	5640
	TCATATCGAA GAAAAGCAAA GCATATGGCG TGCTTACATC GAGGTATTTc GTTGCAATTC	5700
35	TCGCCAAAAT TGTGTACCT GCTGTGTAC CGCCTGCAAG GATAATTACT CCGATTcCTA	5760
	GTCCAACGCT TACACCACCA AAAATGGCAT TCACAATGCT GTTTCCAGTT TCTACTTGCC	5820
	ATGAtTCTGT TAAACTCAAA AATATTGAAA TAAGAATTGT TACAAGAATA GTTAAGTACA	5880
40	TACTTCTCTT ACTCAAAAAt TTATAAcCTA TGGCAATCAA TACTGCGTTG ACCAAGAAGT	5940
	TAGTGATGGC TGGTGAAATA TGAAACGCAT AATATAAAAT AATTGCTAAA CCTGTAACCC	6000
	CGCCTTCACC TAAGTTACCA GAAATAATAA ATGCATTTAC ACCTGCAGCA AAGATAAATG	6060
45	AACCTAAGAC AACTAGTATT AAATCTTTAA CCGTTTTATT CACGAAACCA TCCCCTTTAT	6120
	ATATTTATTA GACTAT	6136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 308:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2576 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 308:

5	GATATCGTAS	CTACTGAAAA	GTCATCACCA	CCATGGAATG	ATTTCTTTAA	ACGTTTTAGC	60
	TTCTATGCAA	TGCAATTCA	ATACTTTGTT	GTACAATTTA	TCATTACATT	ATTCTTAATT	120
10	TGGTTACCGA	CGTATTTAAC	AGAAGTATTC	CACGTTAACT	TTAAAGAAAT	GAGCATTAGT	180
	TCATTACCTT	GGTTATTAAT	GTTCTTCTTA	ATCTTATCAG	CAGGTGCAAT	TTCTGACCGT	240
	GTATTAGGAT	TAGGTCGTTT	AAAATTCGTA	GCTAGAGGTG	TAATTGCAAT	TGCAGGATTT	300
15	ATTGTGTTTT	CAGTTTCAAT	TATCTTTGCT	GTACGCACAG	GAAATTTATA	TGTAAGTATT	360
	TTCTGGTTAT	CACTAGGTCT	TGGTGGTATC	GGTATTTCAA	TGGGTATGAG	TTGGGCTGCA	420
	GCAACTGACT	TAGGACGTAA	CTTCTCTGGT	ACAGTATCAG	GGTGGATGAA	CTTATGGGGT	480
20	AATATAGGTG	CATTAATCAG	TCCGCTATTA	GCAGGTCTAT	TCGTAGAACA	TTTGGGTTGG	540
	ACAATGACAT	TCCAATTGTT	AATCGTTCCA	GCAGTAATCG	CTGTGATTAT	GTGGTTCTAT	600
	GTGAAACCAG	ATCAACCTTT	AATTGTTAGT	GATGATAAAG	CAATAGAAAA	ATAATTTAAA	660
25	CAAGCAGTAA	GCTTTCACAT	AGTTGGGGCT	TATTGCTTTT	TTTGGCTTGA	AATTGAAACT	720
	TTTTAAACA	GATATGGTTT	AAGATGAAAA	TGAAGTTATT	GAAATGATAT	ATGTAAAGAA	780
	ATAAGGTTTT	AAAACATTAG	TCAGGTAACG	CTTGTAaAAAG	TACATATAAA	TTTTAACTAG	840
30	CGCAAAGGTG	GGCGACCAAA	GcTcaACGAT	GTAAATAAAC	aTTAGrAATT	AATTTTAATT	900
	GGACTTTAAA	AGTTTTTAAA	TTTAGATAAT	TGAGCATAAG	GTGTTATAAT	GACATATGTT	960
35	GCGTAATTAA	AATTTATAGC	AACAAATTCA	TTTTAACTAT	GCTAATAAAA	AGATTATGGA	1020
	AATATTTTGA	CAAGGAAAGG	AGAAGTCGAA	ATGACATCTT	TTTGACATCA	CTCATAAAAA	1080
	TCAATCGACT	TAACCTAGAC	TTTTATAAAG	GTGTAAGACA	GGGACTGTTA	ATGATTATTC	1140
40	CTGCAATAAT	CGGTTACTTA	TGTGGTAATT	TCCAATTTGG	ATTATTAGTT	GCAACCGGAA	1200
	CACTAGCCCA	TATTTATGTT	TTTAAAGGTC	CGTCGCGATC	TAAGCTGCGA	ACTGTAATAA	1260
	TTTGTAATTT	AGCGTTTGCA	ATATGTATGA	TGCTTGGTAC	GCTAACAGCC	AAAACGCCAC	1320
45	TCGTTTTTGG	AATGACATTA	TTAATTGTTA	CGGTTATACC	ATTTTATATA	TTTACTGCCT	1380
	TAAAAATAGC	TGGACCGTCA	TCGACATTCT	TCATTGTGAC	ATTCAGTCTA	CCCATTAACT	1440
	TACCTATAGC	TCCCGAAGAA	GCATTATATA	GAGGCTTTGC	GATTTTAGTA	GGCGGTATAC	1500
50	TTGCCACTAT	GATGGTGTTA	ATCACGATCG	TATTTTCTAA	AAACAAAGCT	GAAGAACAAG	1560
	CAATTCAAAA	TGATTTTAAA	CTCATATCTA	AGTTGTTACA	CACTTATAAT	GATAAATCTG	1620

55

TCACTTCTAC TTCAAGTAAC GATAAATTAA GTAGACGTTT CCAAAAATTA TTATTATTAC 1740  
 ACACATCTGC CCAAGGGATT TATTCTGAAC TGTTAGAGTT GAACGCTAAA CAAATTCGAC 1800  
 5 CATTGCCAGA TGAGTTAATT GAAATGATGG ATCATATCAT TGCACAACTA GATAATAGTG 1860  
 AGGAAAATGT AAGATATTGG CGAAAAGAAG TGACAGTAAC AGAGGAATTT CAAAATTTAT 1920  
 TCAACCATAT ATTGAAAATT GATGAAATGG TGCATGCAAA TGAAGCGCGT ATTGCGTATG 1980  
 10 AAGCAGACAT GCGAAAACCT TTATATAGTA AACGCATTTA TCaAAATTTA ACaTTAGACT 2040  
 CtAtkGTTTT TAGAAATACA TTGAGATATA CAGCGATTAT GATGATAGCG ATATTTATTG 2100  
 CGTTAATGTT TGATTTTGAA AAAGCATACT GGATACCGTT ATCTGCACAT ACAATATTAC 2160  
 15 TAGGAACATC AACTATACAT GCAATCGAGA GAGGTATGGC ACGAGGTTTA GGTACTATTT 2220  
 TAGGTGTGTT AGTACTTTCA GTCATATTGT TGTTCCTAAT ACCAACACCT GTTGCAGTAA 2280  
 20 TTTTAATGGG CATTGCAGCA TTGTTTACTG AAGCATTGGT GGGAGCAAAT TATGCGATTG 2340  
 CAGTAGTTTT TATTACAATA CAAGTTATTT TAATGAACGG ATTAGCATCA CAGAATTTAA 2400  
 CAATTAACAT TCGTTTTCCA AGAGTTATTG ACGTTGCAAT GGGTATTGTG ATTGCAATCA 2460  
 25 TAGGTTTATT TGTCTTTGGA CAACGTACCG CATCCGCATT GCTTCCTAAT GTAATGGCTG 2520  
 AAGTTGTTTC TAAAGAAGCA ACGCTCTTTC ATTATTTATT TTCTGAAAAT CAATAT 2576

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 309:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 668 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 309:

40 CAAGCACATT ACGATGGTCT AATACTTTGC TAATAATTTT TTCTTGTCTT GGTCGAAACG 60  
 TTTCATACCC AAAGTAATGC GATAATGTTT GTTGCATCAT AAATTGACCC CTTATTGTTG 120  
 TTCTTTAATT TCTTCTAACT CACTCCATCT TGTGATGTCT AAATCATATT GAATTTCAAG 180  
 45 TTGTTCTTTT TCTTCGTTTA ATTCTTTAAT TTTCCATAA TCTGCACTTG CCTCAATCAT 240  
 GAGCACATCA ATTTCTTCCA TTCTTACTTC CGCTTGTTCT ATGCGTTTCA TCAATTGTTT 300  
 ATATTCTAAT TTTTCTTTAT ATGATAAACC ATTTTCTTTC CGTACAGTTG TAGAAGATTT 360  
 50 AGATTGTTGC TTCAATGTGG ATTTATTTTT ATCTAATGAT TTTTATAAC TTTCATAATC 420  
 TTCAAAAGTT CCGATAATCT TTTCCATCTG ACCATCATGA ATAAACCAAT ATGACTGTGC 480

AATATAATCT TCAAGTATTG TTAAAGTCTC AGTATCTAAA TCATTTGTCG GTTCATCTAA 600  
 CAACAGAACA TTTGGCTGGT GTACGAGTAG ACGTAATAAA TACAAACGCT TTTGCTCTCC 660  
 5 ACCAGATA 668

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 310:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 12173 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 310:

CATCAGTTTA TTTTGAAAGG CAATGCGATC ATTTTCATGTA TTTATGTTGT TTGAAACATC 60  
 20 GTTAGATAAC AATAGTGATA TTGCACATTT TAAGCTGAAG ATGGAAAAAT ATTCGATAAT 120  
 CAAATAAACA ATGAATTTTA GAAGGTACAA TGACGTTTAC TAATTTAAAT ATAGCTGAAT 180  
 GTGTTGGTGA GTGATGTTCA CTATAGATTT ATATTAATAT ACAAAGACAA AGGTTGTTAA 240  
 25 TTTTATTAA GCGTTAGGTT GAATGTATGA GAATTTTGA TTTATAATAG AAGATAGAAA 300  
 CGAAAATTTT TCTTAAAGC AGTAATGTTG ACTCAAATA AGCTATAATA ATGACACTTA 360  
 TTTAATTGAT TAACATTTGC TAATAAATAT CAATATAGAA TATAACTTTC CAATAATGAC 420  
 30 TGAGAAAATC GAAATGTCAG TCTCGAATCA TATAATTAGA AAATTGATTA TTTTCTGTCA 480  
 ATTTAGGGTT GAACTATACA TATGATATTG TTAGAATATT TTTTAACATT ATATTTTATT 540  
 35 GCTTTAAAGT GGAATATACT TGAAATAATT AGTAGAGGTG AGTAAGGATG AGTAATAAAT 600  
 TAGAATCATA CAGAAGTGAG ATTGTATCAC TGAATCATCA AATTTTAGAC TTATTATCTA 660  
 AACGTGGTGA ACTAGCACAA AAAATTGGGG AAGAAAAATT AAAACAAGGT ACACGTATTT 720  
 40 ATGATCCACA ACGTGAAAAA GAAATGCTTA ACGACTTAAT CGATAGTAAC AAAGGACCAT 780  
 TCAACGATAA TACTATTAAG CAATTATTTA AAGAAATTTT CAAAGCCTCT ACAGATTTAC 840  
 AAAAATCTGA AAATGAAAAA CATTTATATG TATCACGTAA GTTGAAACCT GAAGATACGA 900  
 45 TTGTAACATT TGATAATGGG GGCATTATAG GAGACGGCAA TAAATCATTT GTATTTGGGC 960  
 CATGTTCACT TGAATCATTT GAACAAGTTG AAGCTGTTGC TAAAACTTA CATGCTAAAG 1020  
 GTGAAAAATT TATTCGTGGC GGTGCATTTA AACCACGTAC ATCACCATAT GATTTCCAAG 1080  
 50 GCCTAGGTGT TGAAGGACTT AAAATACTTA AACAGATTAA AGATAAATAT GATTTAAATG 1140  
 TTGTCAGCGA AATCGTAAAT CCAAATGATT TTGAAGTGGC TGATGAGTAT TTAGACGTAT 1200

## EP 0 786 519 A2

	AAAAGCCTAT TCTATTAAAA CGTGGTTTAT CTGCTACAAT CGAAGAGTTT GTTTATGCAG	1320
	CTGAATACAT TGCTTCACAA GGTAAATCAAA ACATTATTTT ATGTGAACGT GGAATCCGAA	1380
5	CTTATGAAAA GCGACACGT AACACTTTAG ATATTTCAGC AGTACCAATT TTAACAACAG	1440
	GTACACACTT ACCAGTCATG GTAGATGTTA CGCATAGTAC AGGTCGTAAA GATATCATGT	1500
	TACCAACTGC GAATsAgCAT TAGCAGTTGG TGCTGATGGA GTTATGGCTG AGGTGCATCC	1560
10	AGATCCATCT GTTGCACTTA GTGATGCGGG TCAACAAATG GATTTAGATG AATTCCAAGC	1620
	ATTTTATGAT GAATTAAAGC CTTTAGCTGA TTTATATAAC GCTAAAAAGT TAAAAATAA	1680
15	TTCCAAGGAA ACTATAGACT ACTTAACTAA TATGTCATGT TGAAGTAGAA TATTATCTTT	1740
	GAATCGACAA TTTTAACTT ACAGCCATTG TAAGAGTATA TTACTTTTAG AGTGGCTATT	1800
	ATTTTTTGTA TAGAAATAAA GGTATACTGC ACTTAACGAT TGTATAATA CTTCGACACT	1860
20	TGTTCAATTT CACAATTATT AAAGATTATG ACTGATAGCA GTAATTAAAA TTATAACTAT	1920
	GAATTATCTG TAAATATATA TAGATTACAA CATTTGTTGC TGAAATGTGA ACATTTTTCA	1980
	ACAAATGCAA TTGATATTTG AAAAGGCTTT CTCAAAACAT TACAATTAAA AATGAAAAAA	2040
25	GTTTATATAA AATTAAAATA TATCGTTCGT TATCATTTAG CGTTTGTTTT TATTTCAAGC	2100
	TTTTCGCTAA ATTTTTCCAA AAAAAATAT GTTACTGTAA ATTAAAATAT GGTAACTAT	2160
	GAAAATGAAA TGAAACATG TTATTATAAT GAATAAACG TTTACAAGGA GGAAATTATG	2220
30	ACAGTTACTA TATATGATGT AGCAAGAGAA GCGCGTGTCT CTATGGCCAC AGTGTGCGGT	2280
	GTTGTTAATG GGAACCAAAA TGTTAAAGCA GAACTAAAA ATAAAGTTAA CGAAGTCATT	2340
35	AAGCGTTTGA ATTATCGTCC AAATGCTGTT GCTAGAGGTT TAGCTAGTAA AAAGACAACA	2400
	ACAGTAGGTG TGATCATTCG AGATATATCT AATATCTATT ATTCACAACT TGCTCGTGGA	2460
	CTTGAAAGATA TTGCAACAAT GTATAAATAT CACTCAATTA TTTCAAATTC AGATAACGAT	2520
40	CCTGAAAAGG AAAAAGAAAT TTTTAATAAC TTATTAAGTA AACAGGTTGA TGGTATTATT	2580
	TTCTTGGTG GTACAATTAC TGAAGAAATG AAAGAATTGA TAAATCAATC ATCTGTACCT	2640
	GTAGTAGTAT CAGGAACAAA TGGTAAGGAT GCACATATAG CATCAGTTAA TATTGATTTT	2700
45	ACTGAAGCTG CGAAAGAAAT TACGGGAGAA TTAATTGAAA AAGGCGCTAA ATCATTGTCT	2760
	TTAGTAGGTG GAGAACATTC TAAAAAGCT CAAGAAGATG TTTTAGAAGG TTAACTGAA	2820
	GTGTTAAATA AAAATGGCCT TCAATTAGGT GATACATTGA ATTGTTCTGG TGCTGAAAGT	2880
50	TATAAAGAAG GCGTAAAAGC TTTTGCCAAA ATGAAAGGCA ATTTGCCAGA TGCCATTTTA	2940
	TGTATCAGCG ACGAAGAAGC AATTGGTATT ATGCATAGTG CAATGGATGC TGGTATTAAA	3000

55

EP 0 786 519 A2

	CCACAAC TTT CTAGTGTTAT TCAACCATTA TATGATATCG GTGCAGTAGG GATGCGCTTA	3120
	TTAACAAAAT ATATGAACGA TGAAAAGATA GAAGAACCAA ATGTAGTTTT ACCTCACAGA	3180
5	ATTGAATACC GAGGAACTAC AAAATAAATT CACAAAATTA GGCATTCATC TAACGACCCA	3240
	AATTATATGG GTGTTGGAAG AATGCCTTTT ATTTATCTTT TAAAATCGTT GCAGATTAGG	3300
10	TTACTTATTG ACGAGTAGAT TCGTACCAAC TCGCTATATG TAAAGCTAAT TTTTATTTT	3360
	TTTCACTAAT TTCTTTTG TG CGGGGGACAT AGGTATAATC ATTTAAACGA TCTTCCCATC	3420
	TTTTAGGTAA TAATTCAGAT GAATAATGTT TCCATTTATT AATCCATTCT AACGGTAAAT	3480
15	AACCACTTTG AATTGGTTGA TCAATTAAAC TTAAGAATAC ATGACTCCAT GCACGTGGTA	3540
	CGACTCTCCA AATATTGTAG CCTCCGCCAC CAAACATAAT TACCTTTCCA TTCGTATAAG	3600
	AATCAGCTAA ATATTTTACA AAATATGGAA TTTCATATAA TGAATGTAAC GTACAATTTA	3660
20	GATGAGTTAG TGGATCACGA TAATGTATAT CGACACCATT TACGCTTAGA ATAATATCAG	3720
	GTTTAAAACT CTTTACGACA GGCTCAACTG TTAATTTAAA ACACTCCAAA AATGATGCAT	3780
	CTTCTGTATA CGGTTCAAGT GGGACATTTA CAGTGTGTCC ATAGCCGATA TCTTCACCGC	3840
25	GCTCAGTATA GTGACCAGAG CCTGGGAAAA GAAATTTTCC GGTTCATGG ATAGAATAAG	3900
	TAGTAACATG GTTATCGGCA TAGAACTCC ATTGTGTACC ATCTCCATGA TGTGCATCGG	3960
30	TATCTATGAT TAAAACGCGT TGATTGTATT CTTTAGCTAA GTATTGTGCG GTAATTGCAA	4020
	TATCATTGTA TATACAAAAA CCACTTGCTC GACCAGGTTG AGCGTGATGC AAACCACCAC	4080
	CTAAGTGACA ACCATTTAAT ACTTTGCCTG ACATAATAAG ATCTGCTAAA GTTAAAGCGC	4140
35	CTCCAACAAT TGTGGCACTA TGGCGGTGCA TATGCTTAAA TTGACCATTC TCTTCATCAT	4200
	TTAATCCATA TTTCTTAGCC TCATCTTCAC TGATAATGCC ATGTGAAGCA TGCTTAATAG	4260
	CTTGGACGTA ATCATATTTA TGAATTAACA TTAATTCGTC ATCTGTTGCA ATTCTAGGTT	4320
40	GTACTATTTG TTCTGGAGAC AATAAATTTG CATTCAAAAG TAGCTCTGTT GTTAATTTTA	4380
	AACGCATTTG ATTGAAGGGA TGTTGGTCAT GAAATCGATA TTGTAATAAC TTATCTGAAT	4440
	AAACATATGC AGTTTTTGAT GAATGTTGTT GCATATAATC CCTCCGATAT TCCAAAAATT	4500
45	AAAAGAAAAA CCGATTCATA TAACGAATAT CATCAAACGC TTGTTGCTGT TCTAATGTAA	4560
	TGTTTTTGCC AATTCTTGCC ATTAAACAAT TAGCTGGATG ACTTGTTATT TCTGGATCAT	4620
	CTGTAGCGAA TATTTCAAGT CCACCAGTTG CCATTAACCG CTGCATTAAT TTTTATAGT	4680
50	CAAATACATC TAACTTTGAA TTTTTTAAAT CCCAATGCCA GTAATATTCT GTAGTTATAA	4740
	CGATATAATT CTCGAATTCT GGTGTAGAAA GGCTAAGTTG TATCAGCTTT TCTGCAAGTT	4800

55

	TACCTGTAGA CCAGCGCTCA ATTTTCATCAG GATAGTGGAA AGTGACATAA CCCACAATGA	4920
	GTGATCTTG GCGAGCAACA TAAATTCTAC CTTCTGGTAA TGTGTAAATT TCTAACAAAG	4980
5	CTTTATACTG ATCTTCAGCA TCTCTAAATG CGGTTAAATG CGCATCGAAA GTAAGCGCTT	5040
	TCAAATCTtC GTGTGTtAAA GGACCTTCAA TAACAAATTG CTTGTCATGA ATGTAATAAT	5100
10	CTTCGGATTG ATACGTCTTT AAATGATTCA TATTTTCAAC TCCTCAATCG ACGTCGTGAT	5160
	TGTATTAAAT TCATTATATA GAAaATTtAC AATAATTAAT ACTAGAAAAA GGATAAAAGT	5220
	AAAAATTTTG AATAATTAGA AATGTTATGT ATAATATTGA GAAAGAAAGC GTTTTCACAT	5280
15	AACAAAGGGG GAGTTTCAAA TGAAAGTCGA AGTTTATAAA GGAGCGCAAG GTAAACATAA	5340
	CCTTAAAGAT TATGAAGAAA CATATAATAC TTTTGATTGG AAAGACGTAG AACAAAGCATT	5400
	TTCTTGGAGT GAAACTGGAA AAATGAACAT GGCATATGAA TGCATAGATC GCCATGTAGA	5460
20	TCAAGGATTA GGGGATAAAA TAGCGTTAAA TTACAAAGAT GAGCACAGAA AAGAATCGTA	5520
	TACTTATAAA GATATGCAAC GGTTATCTAA TAAAGCAGCG AATGTTTTGT CTGAACATGC	5580
	AGAAGTTGAC AAAGGTGACA GAGTATTTAT ATTTATGTCG CGTACACCTG AACTATATTT	5640
25	TGCGTTGTTA GGTGTTTTAA AAATGGGTGC AATTGTTGGG CCGTTATTTG AAGCATTtAT	5700
	GGAAAAGGCA GTTGCGGATA GATTAGAGAA CAGTGAAGCT AAAGTGTTAA TTAATAATAA	5760
30	GGCATTGTTA CCTCGAGTAC CTGTAGATAA ATTACCAAAC TTGAAAAAAA TTGTTGTCGT	5820
	AGATGAGGAT GTAGAAGACA ATTACATAGA CTTCAATAGT TTGATGGAAA CTGCTAGCGA	5880
	TGAATTTGAC ATTGAATGGT TAAAGTCGGA TGATGGTTTG ATTTTACATT ATACATCAGG	5940
35	TTCTACTGGG caACCTAAAG GtGTATTGCA TGTTCAACAA GCAATGTTAG TGCACTATAT	6000
	TTCTGGAAAA TATGTATTAG ATTTACAAGA AGATGATGTT TATTGGTGTA CAGCAGATCC	6060
	AGGTtGGGTT aCAGGAACAT CTTATGGTAT TTTTGACCA TGGTTAAATG GCGCTACAAA	6120
40	TTGTATAGCT GGTGGTCGCT TTTCGCCAGA ACACTGGTAT AGTATGATTG AAGATTTTAA	6180
	AGTGACGATT TGGTATACGG CACCAACAGC TTTAAGAATG TTAATGAGTG CTGGTGACGA	6240
	TATTGTTGAG AAATATGACT TGTCATCGTT ACGTTCGATT CTATCAGTAG GTGAGCCTTT	6300
45	AAATCCTGAA GTTATAAAAT GGGCGAAAAA AGTATACGGT TTAACGGTGT TAGATACTTG	6360
	GTGGATGACA GAAACAGGTG GACATATGAT TGTTAACTAT CCAACGATGG ACGTcaAGCT	6420
50	TGGCTCAATG GGCAAACCAT TACCTGGTAT TCAAGCTGCA ATTATCGATG ATGCAGGGAA	6480
	TGAATTACCA CCAAATCGAA TGGGCAACCT TGCTATAAAA AAAGGCTGGC CATCAATGAT	6540
55	GTATCGTATC TGGAAGAATC CAGAAAAATA TAAATCATAT TTTATTGGAG ACTGGTATGT	6600

	TGATGTAATT	ATGACAGCTG	GTGAACGAGT	TGGACCATTT	GAGGTTGAGT	CTAAATTGGT	6720
	TGAACACGAA	GCAGTTGCCG	AAGCAGGAAT	TATTGGTAAA	CCTGATCCGG	TTCGCGGTGA	6780
5	AATAATTAAG	GCGTTTGTG	CACTGAGAAA	AGGATATGAA	CCAACAGACG	AATTAAAAAG	6840
	AGAAATTCGT	ATATTTGTTA	AAGAAGGTTT	GTCGGCACAT	GCAGCACCAC	GTGAAATCGA	6900
10	ATTTAAAGAT	AAATTACCTA	AAACACGGTC	AGGTAAAAAT	ATGAGACGTG	TATTAAAAAG	6960
	TTGGGAATTA	AATTTAGATG	CTGGGGATTT	AAGTACAATG	GAATAATGAC	ATGAATGTTA	7020
	TTGAAGATTT	TTTTCGAAGA	ATAAAGGGTG	ACAACATATT	TCATGTCAAT	GTTTAAATAA	7080
15	TCGTTTACTT	TACGATAAGC	AATATAAAGA	ACTGTTAACT	TGTGTCATAT	CATTTCTAG	7140
	AAAGCATTTG	AAAATGATGA	CATAACAATA	ATGGCATATC	TTTATATTGC	TTTTTATTTT	7200
	TAATATGATC	TTTGGAAGAT	GATTATTTTA	AATAATAGAA	AAATATAGTT	ATCAATAGTA	7260
20	TCAAGCGCTA	AAAGTTGTAT	AATACAAAAC	TTTAATAAGT	GAATTTATTG	CAAAAATGAA	7320
	AGCGCTAACC	CGATTTAGTC	GACAAGTTTT	TAACAGTTTC	TTATTATATG	AATGTAAGTA	7380
	AAAATTTCTT	AGCTACAAC	TACATATTAT	AAATGCATAA	ATTAACAAA	AAGGGGCGAA	7440
25	AAAAGTTGAC	TCATTTATCA	GATTTAGATA	TTGCGAATCA	ATCAACACTA	CAACCAATTA	7500
	AGGATATTGC	TGCATCAGTA	GGTATTTTCA	AGGATGCATT	AGAACCTTAT	GGTCATTACA	7560
	AAGCTAAAAT	CGACATTAAT	AAAATTACGC	CAAGAGAAAA	CAAAGGGAAA	GTTGTTTTAG	7620
30	TAAGTGCAT	GAGCCCAACA	CCAGCTGGTG	AAGGTAAATC	AACGGTTACA	GTTGGTTTTAG	7680
	CTGATGCATT	CCATGAGTTA	AATAAAAAAC	TTATGGTTGC	ATTAAGAGAG	CCTGCTTTAG	7740
35	GACCAACATT	TGGTATCAAA	GGTGGTGCGA	CTGGTGGTGG	TTATGCGCAA	GTCTTACCTA	7800
	TGGAAGATAT	CAACTTACAT	TTCAACGGAG	ATTTCCATGC	GATTACAAC	GCAAATAATG	7860
	CATTGTCTGC	GTTTATCGAT	AATCATATTC	ACCAAGGTAA	CGAATTAGGA	ATCGATCAAA	7920
40	GACGTATTGA	GTGGAAACGT	GTATTAGATA	TGAATGATCG	TGCACTTAGA	CATGTAAACG	7980
	TTGGGTTAGG	TGGACCTACA	AATGGTGTAC	CACGTGAAGA	TGGCTTTAAT	ATTACAGTAG	8040
	CGTCTGAAAT	TATGGCGATT	TTATGTTTAA	GTAGAAGTAT	TAAAGACTTA	AAAGATAAAA	8100
45	TTAGTCGTAT	TACTATTGGT	TACACTAGAG	ATCGCAAGCC	AGTTACAGTT	GCAGATTTAA	8160
	AAGTGAAGG	TGCACCTGCA	ATGATTTTAA	AAGATGCAAT	AAAACCAAAC	TTAGTACAAT	8220
	CAATTGAAGG	GACACCTGCA	TTAGTTCATG	GTGGACCATT	TGCGAATATC	GCACACGGTT	8280
50	GTAAGTCAAT	TTAGCAACT	GAAACAGCAC	GTGATTTAGC	TGATATCGTT	GTAACGGAAG	8340
	CTGGATTTGG	TTCAGACTTA	GGCGCTGAAA	AATTCATGGA	CATTAAAGCG	CGTGAAGCAG	8400

55



	GTGTAGCGAA AGATAATTTA AAAGAAGAAA ATGTAGAAGC AGTAAAAGCA GGAATTGTTA	8520
	ATTTAGAGCG TCATGTTAAT AATATTAAAA AATTCGGTGT AGAACCGGTT GTTGCAATTA	8580
5	ATGCATTTAT ACATGATACC GATGCAGAAG TAGAATATGT AAAATCTTGG GCTAAAGAAA	8640
	ATAACGTACG AATTGCCTTA ACTGAAGTTT GGGAAAAAGG TGGTAAAGGT GGCCTTGA	8700
10	TAGCAAATGA AGTATTAGAA GTCATTGATC AACCTAATTC ATTTAAACCT TTATATGAAT	8760
	TAGAATTACC ATTAGAGCAA AAGATTGAAA AGATTGTGAC TGAAATCTAT GCGCGTTCAA	8820
	AAGTAACGTT TAGCAGTAAA GCGCAAAAC AATTAAAACA ATTTAAAGAA AATGGTTGGG	8880
15	ATAATTACCC AGTATGTATG GCGAAAACAC AATATTCATT CTCAGATGAT CAAACGTTGT	8940
	TAGGTGCACC ATCAGGATTT GAAATTACAA TTCGTGAATT AGAAGCGAAA ACAGGTGCAG	9000
	GATTTATCGT AGCGTTGACA GGTGCAATCA TGAATATGCC TGGTTTACCT AAAAAACCAG	9060
20	CAGCATTAAA CATGGATGTT ACTGATGATG GTCATGCAAT TGGGTTATTC TAATAAATCA	9120
	TGTCAATTGT TTAATAAAGA TAAGTAAATA GTTTAATAGA CCGGACTGTT GGAGATGCAT	9180
	TATTTTCAGCA GTTCGGTTTT TTGCTGTGCT AAAAATAGAT TCAATTTGGC GAATCTAACG	9240
25	ACAATGTTTG AAGGTGGTTA ATTAATGTAT ATGAAGATAA AAAGTGGGCT TGAAGAATAG	9300
	GAAAGCGATG CAATGAATAT TCCATATTAA AAAAAATTAA TAAATAGGT TGCAATATTT	9360
30	AATTGGGATG CGCTACAATT AACACTAATA ATTGATATTG ATAATTATTA TCAATTAAAT	9420
	ATAATCTTAT AGGAGTTGTT AACACATGA ACAAACATCA CCCAAAATTA AGGTCTTTCT	9480
	ATTCTAFTAG AAAATCAACT CTAGGCGTTG CATCGGTCAT TGTCAGTACA CTATTTTAA	9540
35	TTACTTCTCA ACATCAAGCA CAAGCAGCAG AAAATACAAA TACTTCAGAT AAAATCTCGG	9600
	AAAATCAAAA TAATAATGCA ACTACAACTC AGCCACCTAA GGATACAAAT CAAACACAAC	9660
	CTGCTACGCA ACCAGCAAAC ACTGCGAAAA ACTATCCTGC AGCGGATGAA TCACTTAAAG	9720
40	ATGCAATTAA AGATCCTGCA TTAGAAAAATA AAGAACATGA TATAGGTCCA AGAGAACAAG	9780
	TCAATTTCCA GTTATTAGAT AAAAACAATG AAACGCAGTA CTATCACTTT TTCAGCATCA	9840
	AAGATCCAGC AGATGTGTAT TACACTAAAA AGAAAGCAGA AGTTGAATTA GACATCAATA	9900
45	CTGCTTCAAC ATGGAAGAAG TTTGAAGTCT ATGAAAACAA TCAAAAATTG CCAGTGAGAC	9960
	TTGTATCATA TAGTCCTGTA CCAGAAGACC ATGCCTATAT TCGATTCCCA GTTTCAGATG	10020
50	GCACACAAGA ATTGAAAATT GTTCTTTCGA CTCAAATTGA TGATGGAGAA GAAACAAATT	10080
	ATGATTATAC TAAATTAGTA TTTGCTAAAC CTATTTATAA CGATCCTTCA CTTGTAAAT	10140
	CAGATACAAA TGATGCAGTA GTAACGAATG ATCAATCAAG TTCAGTCGCA AGTAATCAAA	10200

55

## EP 0 786 519 A2

AGGCAACGAC CAATATGAGT CAACCTGCAC AACCAAAATC GTCAACGAAT GCAGATCAAG 10320  
 CGTCAAGCCA ACCAGCTCAT GAAACAAATT CTAATGGTAA TACTAACGAT AAAACGAATG 10380  
 5 AGTCAAGTAA TCAGTCGGAT GTTAATCAAC AGTATCCACC AGCAGATGAA TCACTACAAG 10440  
 ATGCAATTAA AAACCCGGCT ATCATCGATA AaGAACATAC AGCTGATAAT TGGCGACCAA 10500  
 10 TTGATTTTCA AATGAAAAAT GATAAAGGTG AAAGACAGTT CTATCATTAT GCTAGTACTG 10560  
 TTGAACCAGC AACTGTCATT TTTACAAAAA CAGGACCAAT AATTGAATTA GGTTTAAAGA 10620  
 CAGCTTCAAC ATGGAAGAAA TTTGAAGTTT ATGAAGGTGA CAAAAAGTTA CCAGTCGAAT 10680  
 15 TAGTATCATA TGATTCTGAT AAAGATTATG CCTATATTCTG TTTCCCAGTA TCTAATGGTA 10740  
 CGAGAGAAGT TAAATTTGTG TCATCTATTG AATATGGTGA GAACATCCAT GAAGACTATG 10800  
 ATTATACGCT AATGGTCTTT GCACAGCCTA TTAATAATA CCCAGACGAC TATGTGGATG 10860  
 20 AAGAAACATA CAATTTACAA AAATTATTAG CTCCGTATCA CAAAGCTAAA ACGTTAGAAA 10920  
 GACAAGTTTA TGAATTAGAA AAATTACAAG AGAAATTGCC AGAAAAATAT AAGGCGGAAT 10980  
 ATAAAAAGAA ATTAGATCAA ACTAGAGTAG AGTTAGCTGA TCAAGTTAAA TCAGCAGTGA 11040  
 25 CGGAATTTGA AAATGTTACA CCTACAAATG ATCAATTAAC AGATTTACAA GAAGCGCATT 11100  
 TTGTTGTTTT TGAAAGTGAA GAAAATAGTG AGTCAGTTAT GGACGGCTTT GTTGAACATC 11160  
 CATTCTATAC AGCAACTTTA AATGGTCAAA AATATGTAGT GATGAAAACA AAGGATGACA 11220  
 30 GTTACTGGAA AGATTTAATT GTAGAAGGTA AACGTGTCAC TACTGTTTCT AAAGATCCTA 11280  
 AAAATAATTC TAGAACGCTG ATTTTCCCAT ATATACCTGA CAAAGCAGTT TACAATGCCA 11340  
 35 TTGTTAAAGT CGTTGTGGCA AACATTGGTT ATGAAGGTCA ATATCATGTC AGAATTATAA 11400  
 ATCAGGATAT CAATACAAAA GATGATGATA CATCACAAAA TAACACGAGT GAACCGCTAA 11460  
 ATGTACAAAC AGGACAAGAA GGTAAGGTTG CTGATACAGA TGTAGCTGAA AATAGCAGCA 11520  
 40 CTGCAACAAA TCCTAAAGAT GCGTCTGATA AAGCAGATGT GATAGAACCA GAGTCTGACG 11580  
 TGGTTAAAGA TGCTGATAAT AATATTGATA AAGATGTGCA ACATGATGTT GATCATTTAT 11640  
 CCGATATGTC GGATAATAAT CACTTCGATA AATATGATTT AAAAGAAATG GATACTCAAA 11700  
 45 TTGCCAAAGA TACTGATAGA AATGTGGATA AAGATGCCGA TAATAGCGTT GGTATGTCAT 11760  
 CTAATGTCGA TACTGATAAA GACTCTAATA AAAATAAAGA CAAAGTCATA CAGCTGAATC 11820  
 ATATTGCCGA TAAAAATAAT CATACTGGAA AAGCAGCAAA GCTTGACGTA GTGAAACAAA 11880  
 50 ATTATAATAA TACAGACAAA GTTACTGACA AAAAAACAAC TGAACATCTG CCGAGTGATA 11940  
 TTCATAAAAC TGTAGATAAA ACAGTGAAAA CAAAAGAAAA AGCCGGCACA CCATCGAAAG 12000

55

CATGGTGGGG CTTATATGCG TTATTAGGTA TGTTAGCTTT ATTCATTCCT AAATTCAGAA 12120  
 AAGAATCTAA ATAATTAnCT AAATATAGCA TATGTATGAT TAACTTTGTA GAC 12173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 311:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1316 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 311:

CAACATTAAT ATTGATATTA AATCTTCCTG GATAACGTGC TTGTTGAGT GATAAGTATG 60  
 CACGCACTTG ACTTAACCTT TTATCTAAAG TAATCGTATG TTGCTTAGAG CCTTGTAAT 120  
 TCGCTCTGAA AAAATAACTC AATTCTAATA GTAACCTCTG TGCCTTTTCG CTATTTATTC 180  
 TAACTAAAGC TGAGATCGTG TTAATTGAAT TGAAGAAAAA ATGTGGACTC ACTTGTGCCT 240  
 GTAATGACTT AATCTCAGCA TCTTTCAATA ACTTACTTTG CGTTTCGGCT TCACCAAGTT 300  
 CAATTTGGCT ACTAAAAATA TTTGCCAATC CTTCTGCAAG TTGACGTTCC ACAAAAGTTA 360  
 AATCATTAGG GTTTGTAAAA TACATCTTCA ATGTACCGAC GATAGAACCA TGCATCTCAA 420  
 GTGGTATCAC GATAGCTGCT CTAAGCGGGC AATTCGGATG ACTACAACCA ATCTCTTCTT 480  
 TAGTATGAAC TTCTTTCAAC TTTCTGATT TCAATACATC TTTAGACAGA CTTGTTAATA 540  
 TTTCAATTTG TGGTATGTGA TGATCACTAC CTGCACCTAC ATGCGATAAG ATTTCAATTT 600  
 TGCTTGTAAT TGCTACGGCA GATACTTTCA TTAAATTTTT AATAATCATC GCAATTTGCT 660  
 GTGCCGATTC TCTATTCAAT CCTTCTTTAA AATACGGCAA TGTCTGGTTC ATCAATTGCA 720  
 GTAATCATG TGTTTGAACA GCCTTCATTT GCTCCTCTTG CTTAATGTT GAAATGATAA 780  
 TAGACATAAA AATCGCCGTA CCAACGCTAT TAACAATAAT CATTGGTAGT GCAATTAATG 840  
 ATATGAGGTC AACCGCATAT GCTTTGTCGT GGGAAAATGT TAAAATGCTC AACATTTGAA 900  
 TCATTTCCAT AACAATTCCA ATCATGGCAC TTTTCGCAAT ACTCGGGTAA CGCTTGCCTC 960  
 TTTGAGCTTG TAAGCCAAAA TAACCAGCAA TTATACCAAT AAATATAGAT GAGATAAGAT 1020  
 AAACCTGTGC ATCCGCCCCA CCCATATACA CTCTGAAAAT ACCTGAAATA ACGCCAACAA 1080  
 ATAGACCTAC AAAAGGGCCA CCAACTAATC CTGCGACACC TATCGTTAAT ACACGTGTGT 1140  
 TAGCTAAAGA TACATCATCA TCTAAACGGA AGTACACACT TCCTGACAAA CTATGTTGAT 1200  
 GATCGATGAC GATACCAGTT AAATTAGACA TTAAGGCAAA CAAACTGAAA ATAATACATA 1260

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 312:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7972 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 312:

TATAAATATT ATTTTATTAT CGTTTATCGC TATTGTGTGTT ACATAATCAA AACCATAAAT	60
TCTTACTCAT TCAGATTAC CCAATATTTT TACTTTTATA ATGTAATGCG TTTTATCCAA	120
GTTATTTTTT AAAAATAAAT ATTGAATTnG GGGCTGnTTT CATGTCATTA AGAGATGAAG	180
CATTGGAAAT GCACAAACGT AATCAAGGTA AATTAGAAGT TAAACCAAAT GTAAAAGTTA	240
CTAATAAAGA GGAATTAAGT TTAGCATACT CACCTGGCGT TGCTGAACCG TGTAAGATA	300
TTTATGAAGA TAAAAGAAAA GSTATATGATT ACACAATTAA AGGAAATACA GTTGCAGTTA	360
TTACTGATGG AACAGCGGTA TTAGGTTTAG GTAACATTGG ACCTGAAGCA AGTATTCCTG	420
TAATGGAAGG TAAAGCAGTA TTATTCAAAA GCTTCGCTGG TATCAATGGG GTGCCTATTG	480
CGTTAAATAC AACTGATACC GAAGAAaTCA TTAAACAGT TAAGTTGTTA GAACCTAATT	540
ATGGTGGTAT TAATTTAGAG GATATTTCCG CACCACGTtG TTTTGAAATT GAAGAACGAT	600
TGAAAAAAGA AACTAATATT CCGGTATTCC ATGACGATCA ACATGGTACA GCAATTGTAA	660
CATTGGCAGG TTTGGTAAAT GCATTGAGAG TTGTTAACAA AGATATTGCT AAAATAAAAG	720
TTGTAATAAA TGGTGCTGGT GCAGCAGGAA TAGCCATTGT TAAATTACTA TACGCGTATG	780
GTGTAAGAAA TATGGTTATG TGTGACTCAA GAGGCGCAAT TTTTGAAGGA CGTTCATATG	840
GTATGAATCC TACGAAAGAT GTTGTAGCAA AATGGACAAA TAAAGATAAG ATTGAAGGGT	900
CTTTAGAAGA AGTCGTAAAA GACGCAGATG TATTTATCGG GGTTTCTGTA GCTAATGCGC	960
TGTCACAAGA TATGGTTAAG AGTATGGCAG ATAATCCAAT TATATTTGCA ATGGCTAATC	1020
CAAATCCTGA AATAATACCT GATGATGCCA AAGCGGCAGG TGCACGAGTT GTTGGTACAG	1080
GACGTTCAGA CTATCCTAAC CAAATTAATA ATGTATTAGC TTTCCCTGGT ATTTTtagag	1140
GTGCATTAGA GGTGAAGCT ACACATATAA ATGAAGAAAT GAAAAAGGCA GCTGTAGAAG	1200
CGATTGCTGA TTTAATCGAT AGTTCTGAAT TAAATGAAGA CTACTGTATC CCAGGACCGT	1260
TTGATAAACG TGTAGCGCCA TCAGTTGCTC GTAATGTTGC TAAAGCGGCA ATGGAATCTG	1320
GAGTAGCTAG GATTGAAGTT GATCCGCAAG ATGTGTATGA TAAACAATG AAACCTACAG	1380

## EP 0 786 519 A2

ATTAAATGA TGAAATGAA AGTTTATGAT AAACATTCAA CAGTCAAACG AATATAAATC 1500  
 AAATAAATTT AAACCCGTTT TTAAGTGGTC AAGTTCAGTT TAAGGCTCTA AATGGTTAGA 1560  
 5 ACAGAGGTTA TTTGGAGGTT TTCCTATGTT TAAAGATTTT TTTAATCGAA CAAAGAAAAA 1620  
 GAAATATCTT ACAGTACAAG ACTCTAAAAA TAATGATGTG CCTGCAGGTA TTATGACTAA 1680  
 10 GTGTCCAAAG TGTAAGAAAA TTATGTACAC AAAAGAATTA GCTGAAAATT TAAATGTGTG 1740  
 CTTTAATTGT GATCATCATA TTGCTTTAAC TCGGTATAAA CGTATAGAAG CAATTTCTGA 1800  
 TGAAGGATCA TTTACAGAAT TCGATAAGGG AATGACCTCT GCGAATCCAT TAGATTTTCC 1860  
 15 aAGTTATTTA GAAAAAATTG AAAAGGACCA ACAAAGACA GGTCTTAAAG AAGCAGTTGT 1920  
 GACTGGTACA GCACAACTAG ATGGTATGAA ATTTGGCGTT GCTGTCATGG ATTCACGTTT 1980  
 TAGAATGGGA AGTATGGGAT CGGTTATCGG TGAAAAGATA TGTGCGATCA TTGATTACTG 2040  
 20 CACTGAGAAC CGTTTACCAT TTATTCTTTT CTCTGCAAGT GGTGGTGCAC GTATGCAAGA 2100  
 AGGTATTATT TCCTTGATGC AAATGGGTAA AACCAGTGTA TCTTTAAAC GTCATTCTGA 2160  
 CGCTGGACTA TTATATATAT CATATTTAAC ACATCCAACT ACTGGTGGTG TATCTGCAAG 2220  
 25 TTTTGCATCA GTTGGTGATA TAAATTTAAG TGAGCCAAAA GCGTTGATAG GTTTTGCAGG 2280  
 TCGTCGAGTT ATTGAACAGA CAATAAACGA AAAATTGCCA GATGATTTCC AACTGCAGA 2340  
 ATTTTATTATTA GAGCATGGAC AATTGGATAA AGTTGTACAT CGTAATGATA TCGGTCAAAC 2400  
 30 ATTGTCTGAA ATTCTAAAAA TCCATCAAGA GGTGACTAAA TAATGTTAGA TTTTGAAAAA 2460  
 CCACTTTTTG AAATTCGAAA TAAATTTGAA TCTTTAAAG AATCTCAAGA TAAAAATGAT 2520  
 35 GTGGATTTAC AAGAAGAAAT TGACATGCTT GAAGCGTCAT TGGAACGAGA AACTAAAAAA 2580  
 ATATATACAA ATCTAAAACC ATGGGATCGT GTGCAAAATTG CGCGTTTGCA AGAAAGACCT 2640  
 ACGAACCCTAG ATTaTATTCC ATATATCTTT GATTGCTTTA TGGAACCTACA TGGTGATCGT 2700  
 40 AATTTTAGAG ATGATCCAGC AATGATTGGT GGTATTGGCT TTTTAAATGG TCGTGCTGTT 2760  
 ACAGTTaTTG GACAACAACG TGGAAAAGAT ACAAAGATA ATATTTATCG AAATTTTGGT 2820  
 ATGGCGCATC CAGAAGGTTA TCGAAAAGCA TTACGTTTAA TGAAACAAGC TGAAAAATTC 2880  
 45 AATCGTCCTA TCTTTACATT TATAGATACA AAAGGTGCAT ATCCTGGTAA AGCTGCTGAA 2940  
 GAACGTGGAC AAAGTGAATC TATCGCAACA AATTTGATTG AGATGGCTTC ATTAAAAGTA 3000  
 CCAGTTATTG CGATTGTCAT TGGTGAAGGT GGCAGTGGAG GTGCTCTAGG TATTGGTATT 3060  
 50 GCCAATAAAG TATTGATGTT AGAGAATAGT ACTTACTCTG TTATATCTCC TGAAGGTGCA 3120  
 GCGGCATTAT TATGGAAAGA CAGTAATTTG GCTAAAATTG CAGCTGAAAC AATGAAAATT 3180

55

## EP 0 786 519 A2

	GGTGACATA AAGATATTGA ACAGCAAGCT TTAGCTATTA AATCAGCGTT TGTTGCACAG	3300
	TTAGATTCAC TTGAGTCATT ATCACGTGAT GAAATTGCTA ATGATCGCTT TGAAAAATTC	3360
5	AGAAATATCG GTTCTTATAT AGAATAATCA ACTTGAGCAT TTTTATGTTA AATCGATACT	3420
	GGGTTTTACC ATAAATTGAA GTACATTAAA ACAATAATTT AATATTTAGA TACTGAATTT	3480
10	TAAC TAAGAT TAGTAGTCAA AATTGTGGCT ACTAATCTTT TTTAATTAA GTTAAAATAA	3540
	AATTC AATAT TTAAACGTT TACATCAATT CAATACATTA GTTTTGATGG AATGACATAT	3600
	CAATTTGTGG TAATTTAGAG TTAAAGATAA ATCAGTTATA GAAAGGTATG TCGTCATGAA	3660
15	GAAAATTGCA GTTTTAACTA GTGGTGGAGA TTCACCTGGA ATGAATGCTG CCGTAAGAGC	3720
	AGTTGTTTCGT ACAGCAATTT ACAATGAAAT TGAAGTTTAT GGTGTGTATC ATGGTTACCA	3780
	AGGATTGTTA AATGATGATA TTCATAAACT TGAATTAGGA TCAGTTGGGG ATACGATTCA	3840
20	GCGTGGAGGT ACATTCTTGT ATTCAGCAAG ATGTCCAGAG TTTAAGGAGC AAGAAGTACG	3900
	TAAAGTTGCA ATCGAAAAC TACGTAAAAG AGGGATTGAG GGCCTTGTAG TTATTGGTGG	3960
	TGACGGTAGT TATCGCGGTG CACAACGCAT CAGTGAGGAA TGTAAGAAA TTCAAATAT	4020
25	CGGTATTCCT GGTACGATTG ACAATGATAT CAATGGTACT GATTTTACAA TTGGATTGTA	4080
	CACAGCATT AATACGATTA TTGGCTTAGT CGACAAAATT AGAGATACTG CGTCAAGTCA	4140
	CGCACGAACA TTTATCATTG AAGCAATGGG CCGTGATTGT GGAGATCTAG CATTATGGGC	4200
30	TGGATTATCA GTTGGTGCTG AGACAATTGT AGTTCCAGAA GTGAAAACAG ATATTAAAGA	4260
	AATAGCTGAT AAAATTGAAC AAGGTATTAA ACGTGGAAG AAACACTCAA TCGTTCTTGT	4320
35	AGCAGAAGGT TGTATGACTG CGCAAGATTG TCAAAAAGAA TTATCACAAT ACATCAATGT	4380
	TGATAATAGA GTGTCTGTGT TAGGTCACGT TCAACGTGGT GGTAGCCCAA CAGGTGCGGA	4440
	TAGAGTTTTA GCATCACGTT TAGGTGGATA TGCGGTAGAC TTATTAATGC aAGGTGAAAC	4500
40	AGCTAAGGGT GTTGGAATTA AGAACAATAA AATTGTAGCA ACATCTTTTG ATGAAATTTT	4560
	TGATGGTAAA GATCATAAAT TTGATTATAG TCTATATGAA CTTGCTAACA AGTTATCTAT	4620
	ATAAGATTTT AGGAGGAATT ATAAAATGAG AAAAACTAAA ATTGTATGTA CAATTGGACC	4680
45	AGCTTCAGAA TCAGAAGAAA TGATTGAGAA ATTAATCAAT GCTGGTATGA ACGTTGCACG	4740
	ATTAACTTTT TCACATGGTA GTCATGAAGA GCATAAAGGT AGAATTGATA CAATTCGTAA	4800
	AGTAGCTAAA AGATTAGACA AAATTGcAGC AATTTTATTA GATACAAAAG GTCCAGAAAT	4860
50	TCGTACGCAT AATATGAAAG ACGGTATCAT TGAAC TTGAA CGTGGCAACG AAGTTATTGT	4920
	TAGCATGAAT GAAGTTGAAG GAACACCTGA AAAGTTCTCA GTAACATATG aAAACTTAAT	4980

55

## EP 0 786 519 A2

TAAAGATATT GACCATGCTA AAAAAGAAGT TAAATGTGAT ATTTTAAACT CTGGTGAGCT 5100  
 TAAAAACAAA AAAGGTGTTA ACTTACCTGG CGTAAGAGTA AGTTTACCTG GTATTACAGA 5160  
 5 AAAAGATGCT GAAGATATCC GTTTCGGTAT TAAAGAAAAT GTTGACTTCA TTGCAGCAAG 5220  
 TTTCGTACGT CGTCCTAGTG ATGTTTTAGA AATTCGTGAA ATTTTAGAAG AACAAAAAGC 5280  
 10 TAACATTTCA GTATTCCCTA AAATTGAAAA CCAAGAAGGT ATTGATAATA TGCGGAAAT 5340  
 TCTTGAAGTG TCTGATGGTT TAATGGTTGC ACGTGGTGAC ATGGGTGTTG AAATTCCACC 5400  
 TGAAAAAGTA CCAATGGTTC AAAAAGATTT AATCAGACAA TGTAACAAAT TAGGTAAACC 5460  
 15 AGTTATTACA GCTACACAAA TGTTAGATTC TATGCAACGT AACCCACGTG CTACACGTGC 5520  
 AGAAGCTAGT GACGTTGCCA ACGCAATCTA TGATGGTACA GATGCAGTAA TGTTATCTGG 5580  
 TGAAACTGCT GCTGGTTTAT ATCCTGAAGA AGCTGTTAAA ACAATGAGAA ATATTGCTGT 5640  
 20 ATCAGCTGAA GCAGCCCAAG ATTACAAAAA GTTATTGTCA GATCGTACTA AATTAGTTGA 5700  
 AACTTCATTA GTGAATGCTA TCGGTATTTT GGTTCACAT ACAGCTTTAA ACTTAAATGT 5760  
 TAAAGCAATT GTAGCTGCTA CTGAAAGTGG TTCAACGGCA CGTACTATCT CCAAATATCG 5820  
 25 TCCACATTCA GACATTATTG CGGTGACTCC AAGTGAAGAA ACTGCACGTC AATGTTCAAT 5880  
 TGTTTGGGGA GTTCAACCTG TAGTTAAAAA AGGACGTAAG AGTACAGATG CATTGTTAAA 5940  
 CAATGCAGTT GCAACAGCTG TTGAAACTGG TAGAGTATCT AATGGTGATT TAATCATTAT 6000  
 30 TACTGCTGGT GTACCAACTG GTGAAACTGG AACTACTAAT ATGATGAAAA TCCACCTAGT 6060  
 TGGTGACGAA ATTGCTAATG GTCAAGGTAT TGGACGTGGA TCAGTTGTTG GTACTACGTT 6120  
 AGTTGCTGAA ACTGTTAAAG ATTTAGAAGG TAAAGATTTA TCTGACAAAG TTATCGTTAC 6180  
 35 TAACTCAATC GATGAAACGT TTGTACCTTA TGTAGAAAAA GCTTTAGGCT TAATTACAGA 6240  
 AGAAATGGT ATTACATCAC CAAGTGCAAT TGTGTTGTTA GAAAAAGGTA TTCCAACAGT 6300  
 40 TGTAGGTGTA GAAAAAGCTG TTA AAAACAT AAGCAATAAC ATGTTAGTTA CGATTGATGC 6360  
 TGCTCAAGGT AAAATCTTTG AAGGATATGC AAACGTACTA TAATTTATAA AAAAACGTCT 6420  
 TTCCATTTAT CAACAATGGA AAGGCGTTTT TTGGTTcATC TGGTATTTTA TGACGTAATT 6480  
 45 AATAGGTTAT TTGATAATGA TAGTGATGA ATGGCAATCT ATATAAATGT TTATATCTTT 6540  
 TATACATGTA CATTATCACC TTCAAACCTT CACTCATATT ACTTTGGAAA TTTATTATAA 6600  
 AATAGAAGTA TGGATGTATT TCTGAAATGA TACATTATTA AATAGATGAG AAAGTAAAAG 6660  
 50 TTTTGAGCCA AGTACGCAAT TTAATATTAT AAGTTGCATA TAAAACAGGA TGGGACATAA 6720  
 ATCCCTAAAA AAACAGCAGT AAGATAATTT TCAATTAGAA AATATCTTAC TGCTGTTCTC 6780

55

5      tCTTCGACTG GCACTGCTCC CTCAGGAGTC TCGCCATTAA TACTACGTAT TAACATGTAA      6900  
 TTTTACTTTT ACATACTTTA AAAAAATAAA ACACCTTGCC CAACTTGCAC ATAAATGTAA      6960  
 AATTCAATAA AATGAATTTT CTGTGTGGG TCCCTTCGTA TAATTTAATA AATACCACTA      7020  
 AACTAAATTA ACGAGGTGCC TTATGTATAA AATTTATAAC ATGACCCAAC TTACTACTACC      7080  
 10    AATAGAAACC TCTGTTAGAA TTCCTCAAAA TGATATTTTCG CGATATGTTA ATGAAATTGT      7140  
 TGAAACGATA CCTGATAGCG AATTCGATGA ATTCAGACAT CATCGTGGCG CAACATCCTA      7200  
 TCATCCAAAA ATGATGTAA AAATCATCTT ATATGCATAT ACTCAATCTG TATTTTCTGG      7260  
 15    TCGTAGAATA GAATAATTAC TTCATGACAG TATTCGAATG ATGTGGTTAG CTCAAGATCA      7320  
 AACACCTTCT TATAAACTA TTAATCGTTT TAGAGTGAAT CCTAATACTG ATGCGTTAAT      7380  
 TGAATCTTTA TTTATTCAGT TCCATAGTCA ATGTTTAAAG CAAAATCTTA TTGATAATAA      7440  
 20    TTCAATTTTT ATTGATGGTA CAAAAGTAGA AGCTAATGCC AATAGATATA CATTTGTGTG      7500  
 GAAGAAAAGT ATTCAAAATC ACGAATCGAA ATTGAACGAA AATTCAAAA CATTATATCG      7560  
 TGACTTAGTT GAAGAAAAAA TAATACCAGA GATAAAGAA GATGGAGATA GCGATTTAAC      7620  
 25    AATAGAAGAA ATAGATTTAA TTGGTAGTCA TTTAGATAAA GAAATCGAAG ATTTAAATCA      7680  
 TTCTATTGAG AACGAAGATT GTGCTCAAAT TAGAAAACAG ACCCGTAAAA AAATAACTGA      7740  
 GATTAAGAAG TTCAAAAAGA AATTTGATGA TTATTCCGAA AGAAAAATA AATATGAAGA      7800  
 30    ACAAAAATCG ATTCTTAAAG ATAGAAATAG TTTTCTAAA ACTGATCTGA TCATGATGCA      7860  
 ACTTTTATGA GAATGAAGGA AGACCATATG AAAAATGGCC AACTTAAGCC AGGATACAAT      7920  
 35    TTACAAATAG CGACAAATTC TCAAAAATGT TTTATCCTAT GACCTATTTC AA      7972

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 313:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3175 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 313:

ATTTTTTAGT TAATGTCTT TCTTAAATA ATTTAGCTT TCATTAAATT AAACAATTTT      60  
 ACAAGCTTGG AACACCAATC AAAATCCTAA GTTCTAAAT GCAATATTAG TAGTCGTTGA      120  
 CTGAATGAAC ATATGCTTAT AATATTTTTT TGCAATGCTA GTCAAGTTGA TTTATGCTCA      180  
 CAAGGATATG CGATTTATAT TTTCTTACAA CAATGAAAT GCCTGATACA ATGCGATCCT      240



	AATTAAATTA TTGTTGTTTT AACCATTGTA CTATCGTCGG AATCATAAAT CCTGTTGGCC	360
	CTTTTGGACC ATTATATGAA GCTTTATTAG TCGTTGCTGG ACCTGCAATA TCGAAATGAA	420
5	TGTGAGGTGT TTGACCACTA AAATGTGTGA CAAAACCTGC CGCAAATAGC GCTTTACCTT	480
	GTCCATTTCGT ATGGTTAACT AAATCAGCGA TATCACTGTG TTTAATACTT GCACGTTCCG	540
	TTGCAGTAAT CGGTAATTCA AATACCATTT CATCGACTTC AGAACTTATT TGTAATATAT	600
10	CGTTTAATAT CACTTTACTA TTCGATTCAA ATGCAGCAGC TTTATCATCG CCTAGTGCAa	660
	CAATTGCTGC ACCCGTTAAT GTAGCAAAGT CCATAATCAC ACTAGGCTGA TATTGATTTG	720
15	CATAAACAC AGCATCTGCA AGGACTAATC TACCTTCAGC GTCTGTATTC ATTACTTCTA	780
	CAGTTTCACC ACTTAATGCT GTAAATACAT CATCTGGcTT CATTGATGCT TCATTTATCA	840
	TATTTTCAGC ACACGCAAGC ACTCCGACAA TATTTACAGG CAGTTGTAAA CGAcTAGCCG	900
20	CTTCAATGAT ACCAACGACA TTCGCAGCGC CACACATGTC AAACCTTCATT GTAGCCATGC	960
	CATTCTTCGT TTTAATACTA TAACCACCAG AATCATACGT TATACCTTTA CCAACTAAGG	1020
	CAATTGGTGC TTCATCTTTG TCTTTGCCAT TATATGTGAT GGTTACTAAt CTCGGTTTTAT	1080
25	GCTTACTACC TTTACCTACT GCTTGTAAAA GTCCGAATCC TTCAGAACT AAAGTGTCAT	1140
	AATCTTTAAC ATCTACTTTG ACCTTTGTAT TTTTAAATG ATTAACAATA TCTTCTGcAA	1200
	ATGTTTGTGG TGtTAATACA TTCGGTGGcA TATTACTAAA GTCTCyTGcC AAATTAATGG	1260
30	aTTGGcCAAT ACTGATACCC TCATGAATAA AATCTAATTC AATTAATGAT TCACTAATAA	1320
	GGkTTAAATT CGTCTTAAAC GGtGCCTTCT kACTTgrTTT ATAATGATCG aATyCATATG	1380
35	kTGcACGCTC ACTTTGGAAT ACCGCATGCC ATTAATACAT CTGgATAACT GgATCcATAT	1440
	TTTGgAnATA AATGaATCCa TAAGTAAATA CGTATCTTCa ATGTGTTCTG ACTTTATGTA	1500
	TTGGAAAAGA TGTCCCCaTA TTTTCAACAT ATCTTGATAA tACGTGTCTT TAAGTTTCCT	1560
40	AAACCAACTG TAATTAAACG ATATGTTTGA TCTTGACAT CAAATGCAGT TGTATAAATC	1620
	TTCCCAACTT TACTACCAAT AATATGTTGA TGTTTTAGTC TTTCAAGTGA TTCTGTAATA	1680
	TCGATATGAT TAAAACTAAT GCGCTCTAAC TGATTTAAAT GTTCTGGTAT ACCAATAATC	1740
45	AATGTATTTA TTTGTTGCT TAGTGTGTTA TTTAATTTAA AATTCATAAT GTACCTCCTT	1800
	AGATTTGATA TGTTACTCAC TTCAAATTGT ACAACAATAA AGCCCTcAGT GACACTGAAG	1860
	GACTTTATAA ATGAATAATT TAATTTTATG TGTTTAGCTG AAACTTTATT TAAAGCCTAG	1920
50	AATTTACCTT TTTTGAATGC TAAACCGATA CCACCGATTT TGAATACCGC ACGTGATCA	1980
	ATCACTTTTT TCATGAATGC TGCTTTTTTA CCAGCGATAG GTTTACCAA TACCATACCT	2040

55

GTTGATTCAC CGTTTAAGAT GCGTTTAATG TTTTGTAGCAA CACTTTCACC TTGTTGCATT 2160  
 GCAATTTGTG CTGTAGTTGG TAATGGACGT TCTTCTCCAG CTGGGATAAA CGCTGAACAG 2220  
 5 TCACCAATAA CAAAAATGTT GTCGTAACCA TTGATTGTGA AATCTTGCTT TGTAACGATA 2280  
 CGTCCACGTT TAACGCCTTC AAATGATTCT TCCATTAATT TACTACCAGG TACACCAGCT 2340  
 GCCCATACTG AAGTACCTGC ATTTAATTGT TGTTTTTTAC CATCTACTTC AACTACAAAA 2400  
 10 CCTTTTTTCGT TACAAGCAAC GATTGGTGTA GCAATTTTAA ATTCAACACC GCGGTCTTCT 2460  
 AAGTAGCTAA CTGCGTGGTT AACTAATTCT TCTGAGAACA TTGGTAACAT TTTAGGTGCT 2520  
 GCTTCAACAC AAGTGATTTT AACTTTATTT TGATCCACAC CATATTTGCT ACATAATTCA 2580  
 15 GGAATTCTGT CTGTTAATTC ACCTAAGAAT TCAACACCAG TGAATCCAGC ACCACCAACT 2640  
 AAGATAGATA AATCGTTATC ATCTTTTTTCT TTTGATGCTG CATAGTTAGC AAATTTGTCT 2700  
 20 TCGATATGAC GTGATAATTC ACGTGCTGTG ATAACATTTT CAATTTGGAA AGCATGATCT 2760  
 TTCATACCTT CGATGCCGAA TGTTTCACTA ACGAAACCTA ATGCTACTAC TAAAATATCA 2820  
 AAGTCATAAA TACCTTGATT TGTTTCTACC TTTTGTAGCAT CACGGTCAAT TTTTGTACT 2880  
 25 TCTGCTTGAA CAAAGTTCAC TTTGTCTTTC TTCAAGACAC TTTCCACAGG ATATAATACA 2940  
 TCTTCATAGT TTAGTGTACC TGCTGATGCT TCATGTAACC ATGTTGCTTC ATAGTGATAT 3000  
 TCATTTTTAT TAATAAGCGT AATTTCTGCT TCTTCTGTTG ATATCGCTTT TTGCAATTTA 3060  
 30 GTTACAGTTT GTAAACCTGC ATAACCAGCA CCAAGTACAA GTACTTTTTT ACGATCTTGA 3120  
 GCCATTTAAT TnCACCTAAG CnTTCATATT TTTTAAACCA AATGCTGATA ATTAC 3175

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 314:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 702 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 314:

45 CATCATTATT AAAGATTTTC AATCAATACA gAATCACAAT ACGTACGCAT TGTGCACGAT 60  
 AAAAATACAG ATGTGTATAT TAACTATGAA CTACAAGAGC AACTAACGAA CAAAGCTTAC 120  
 ATTGGTGATC ATATTTATGT TGAAGGGATA TGGCTCGAAG TACAAGCTGA TGGTTTAAAT 180  
 50 GTATTGAGTC AGAATACAGT GGCATCGTCA TTAATTCGCT TAACACAAGA GATGCCACAT 240  
 GCACAGGCAG ATGATTACAA TACGTACCAT CGTTCGCCAA GGATTATTCA CCGTGAACCG 300

TGGCGTTCCA TTATACCGCC ATTAGTAATG ATTGCTTTAA CTGTTGTCAT CTTTTTAGTG 420  
 AGACCAATTG GTATTTATAT TTAAATGATG ATTGGTATGA GTACAGTAAC GATAGTATTT 480  
 5 GGTATTACAA CGTATTCTC TGAAAAGAAA AAGTATAACA AAGATGTTGA AAAACGAGAG 540  
 AAAGATTACA AAGCTTATTT GGATAATAAA TCTAAAGAAA TTAATAAAGC GATTAAAGCA 600  
 CAACGTTTTA GTTTGAATTA CCATTATCCA ACGGtTGCTG AAATTAAAGA TATCGTTGAA 660  
 10 ACGAAAGCAC CAAGAATATA TGAhAAAACC ATCGGCATCA TC 702

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 315:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 315:

TATGTTCCGA CAACGAAACA AAGTGTAATT ACAAGAGCAA AGATAACTTT GAATGTTTGT 60  
 25 AAACGTCCAT CTTTACCTTC AGTTAAATGC ATGAACATTA ATAATTGArG TCCTGCTTGG 120  
 ACGAATGCAA AGCCAAAGAT AATTGTCAAC TTCGCGTGGA ATGTTAATGA CGTGTATAGT 180  
 GTTACGTAAA CTGCTAAAAG CGTTAATACG ATAGATGCGA TAAATCCTAC AGTATGTTTC 240  
 30 ATTATTGTAC TCATCCGCTA TACACCATCC CTATCATATA TACGGCAGTA AAGATGAAAA 300  
 CCCAAACAAC ATCTAAGAAG TGCCAGTATA AACTTACTAT AAATAATTTT GGCGCATTAT 360  
 ATTGTCTAA TCCGCGTCGT TGGATTGGA TTAATAAACA AATGGCCCAA ACGATACCTA 420  
 35 GCGATACGTG ACAACCATGC GTTCCTAATA GGATAAGAA ACTAGACCAG TAAGAACCAA 480  
 TTGTTGGGTT AACGCCTTCT GATGCATAGT GTGCGAATTC ATAAATTTTCG AATCCAACAA 540  
 40 AGACTAAACC TAAAGTAAC GTAATGATCA TCCAAAACAT CATTAACTTT TGTTTTTCTT 600  
 GGCGCATGTA GTAAATAGCA ATACCACATG TGTAAGAACT GAATAATAAT GCAAACGTCA 660  
 TTATTAAAAC AAGAGGCAAT TCAAATAACT CAGTAGTCAT TTTACCTGCA TAATCGCCAC 720  
 45 CATGTTGCAA AGTTAATAGT GTCGCAAATA GGGTACCGAA TAACGCAAT TCGGCTGTAA 780  
 TGAAAATCCA AAAGCCAAGC TTATTTAATT CGCCTTCATG TGTGCGTGAA TCAATAGTGT 840  
 TTGTATCATG ACTCATGACT TACAGCCTCC CTTTCTTTAA TACGCGCTTC TCTTAATCTA 900  
 50 GCTTCAGTTT CTGCAACTTC AGCAGCAGGG ATATGATATC CGTGATCGAT TTGGAAACTG 960  
 CGATAAATCA TAGTACCAAA AATACCGAAT AAACAAATTA ATGCTGGAAT TACAGTTTCG 1020

## EP 0 786 519 A2

	TTGTTTGGCA TATGAATGTC TTTGTAATTA TGGTTGTCTA AGTAATGACG ACCATGTTCT	1140
	TTCATATCAA CAAATGTGTC GTAGTCATTC CAATCTGGTG TAATGGCAAA GTTGTATTTA	1200
5	GGTGGAATTG CTGATGCAGT AGTCCACTCT AGAGTACGAC CAAGGCCATC CCAGTTATCT	1260
	CCAGTTGCTT CACGTGGAGA TTTGAAGTGA CTGTATACGA TACTAACAAC AAGGAATAAG	1320
10	AATCCGATTG CCATTAATAA TGCACCGATA GTTGAAATTA AGTTTAATAA GAACCAACCA	1380
	TCTGATGGCA TATAAGTGTA TAAACGACGT GGCATACCAT CTAATCCAAG AATGAATTGT	1440
	GGTAAGAAAC AAACGTTAAA TCCGATCATG AAGAACCAGA AGCACCATT TTTAATGTT	1500
15	TCGTTTAATT TGTAACCCAT CATCTTTGGA TACCAGAAGA TTAAACCAGC TAAGCAGGCA	1560
	AATACAACAC CAGTAACCAA TGTATAGTGG AAGTGAGCTA CTAAGAAGTA CGTATTGTGA	1620
	TATTGATAGT CAGCTGATGC CATTGCTAAC ATTACACCCG TAACACCACC TAAAAGGAAG	1680
20	TTAGGGATAA ATGCTAATGA GAATAGCATT GGTGACTCAA ATGTAATACG TCCTTTATAT	1740
	AATGTTAATA ACCAGTTAAA CAATTTTACA CCAGTTGGAA TACCAATCAG CATTGTTGAA	1800
	ATTGAGAAGA ATGAGTTGAT TAACGCACCA TTACCCATTG TGAAGAAATG GTGAACCCAA	1860
25	ACTAAGAAAC TAAGGAACGC GATACCGGCA GTTGCCCATTA CCATACTTTG ATGTCCGAAT	1920
	AAACGCTTAC GAGCGAATGT CGGGATAAATT TCTGAGTAAA TACCAAATGC TGGAAGGATA	1980
	ACGATATAAA CTTCAGGGTG CCCCCATACC CAGAAGAAGT TAGCCCAAAG CATTGGCATA	2040
30	CCGCCATGTG CAACTGTGAA GAATGCTGTG TCAAATATTC TATCAGTTGT CATTAAATGCT	2100
	AACGCTACTG TTAAAGGAGG GAAAGCAAGA ATAACAATTA ATGTAGTAAT AAATGTTGTT	2160
35	ACTGTAAACA TTGGCATTTG CATAAACTTC ATAGTTGGTG TTTTACATCT TAAAATTGTT	2220
	ACAAAGAAGT TGATACCTGT AGCTAAGGTA CCAAGCCCTG AAATTTGTAT AGCTATTAAG	2280
	TAATAGTTAA CACCCGACC AGGACTGAAT TCACCTGCTA GTGGCGCATA GTTTGTCCAA	2340
40	CCAGCTGCTG GTGAACCACC AATAATAAAT GACAGGTTGA ATAAAATCAT ACCTGCAAAG	2400
	AATAGCCAGA AACTTACGTT GTTTAATACT GGGAAATGCAA CATCACGTGC TCCAATTTGT	2460
	AATGGAACAA CGATATTCCA TAAACCAAAG ATAAATGGCA TTGCCATGAA GATAATCATG	2520
45	ATTACACCAT GTGTACTAAA AATTTCTGTTA TAGTGGTTAG ATTCTAAAAA TTTGTTATCA	2580
	GGTACTGTTA ATTGCGCACG AATAAGTAAC GCATCAATAC CACCACGGAC GAACATTAAT	2640
	ACGGCACAGA TTAAATACAT AATACCGATT TTCTTATGGT CTACAGATGT GAACCATTCT	2700
50	TTGTAAAGAT ATTTCCATAA TTTAAAGTAA GTAATTACTG CGATTAAACC AATAACTAAG	2760
	AATGGGGCAC CAATTTGTGC CATTGTAATC ATCAGTTAC CTTAACTAG TAATTGATCC	2820

55

EP 0 786 519 A2

	TTGAAATTTT CTTCAATTTCT TTCGCATTTT TCGATTTCATC TTTCTTGAAC TCATTGTTAT	2940
	ATGGTTCGTC ATTTCCAAGA ATCATCAACT TCATACCATG TCGTTTATAG TTCGCATTTG	3000
5	TAATTTGAGC TTTACGAGCA GGTATTAATG GTTTGTCTGA TACATCTTTA AACATATTTT	3060
	CTTCACTAGT GAAGTTTGGG TCTTTCAATT CGAAATTGAA ACGTTTATAT GCATAGAAGA	3120
	TGTATTCTGG ATCGGCTGCT GGATCAACAA ACGCCATATG TGTACCATTA AATTCTAAAG	3180
10	CTTTATTAGG TGTGCTTGGT AATAATTGTT TATCAAATGT ATCTTGATCT AACGTTTTCT	3240
	TACCTTTAAC TTCTTTCACC CATTTGTCGT AGTCTTTTTG ACTAACGGCA TTTACTTTAA	3300
	ATGTTTGACG TGAGAATCCT TCACCATTGA AGTTAGAGTT ACGACCTCTG AACGTACCAG	3360
15	TTTGAGATGC TTCTAACGTC CAATTCATTG TCATGCCAGT CATGGCATAT TTTTGACCAC	3420
	CTAATTGTGG AATCCAGAAA CTTGTCAATTG TATCCATAGC TTGAAGCTTA AATACAACAG	3480
	GACGATCTTT AGGGATTGTT AATGTATTAA CAGTCTCTAT ATGTTTCATCT GGATAAGCAA	3540
20	AGAACCATTT GTATCCTGCA CTTACTGCAT ATACAACCAT TGGATCTTTC TCACTCTTCG	3600
	GTGGTTTTTC GTAATCGTAT AAAGTTTTAA CTGTAGGAAT AGCTAAAGCA GCAACGATTA	3660
25	TGATAGGTAT TACAAACCAT ATTGTTTCAA TGATGGCATT ATGGTGCATC TTACCAGATT	3720
	CGGCATTCTT ATTATAACTA TACTTGTAAT TAAAAATGGC GAACATGCCA AGTACAACGA	3780
	AACAAATAAC AAGCATGAAG ACGATTGAAT AAAGAATCAA GAACTTCTGA CTACTTGCTA	3840
30	CTGGCCCTTT TGC GTTGAAA ATTTCTATAT TTGAACAACC ACTAAGTAAA ATTAGTGTGC	3900
	CAAATAATAG AAGCAAAGAC TTAAATTTTG ACACTTTTTT GACCTCCTAA TACTACAAAT	3960
	GTAGGGCTTA ACATTAAATTT TAAGTTATTA CACAATATTT ACAAGGGCTT ATGGGAAAAA	4020
35	AATTAATAAA ATTGATATCAA AAATGTTGAT AAATCAAGGT GTGACGTGGG TTCACACATT	4080
	TGTTAAAATT ATGTGTACAT TTTGTGACTA ATAGCGTTTT T	4121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 316:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 9310 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 316:

50	CGAGTGAGTA CAMACATATT TTTATTTGCA AGGGGTAAAT GGCATATAAC TATCTTTTTT	60
	ATGTAAGCTG GTATAAAATT TATACTAATA GGAGGGATAG TATGAATATA GTAGGGCATC	120

	TTGGATTACG	ATTAGTTGAA	AAGTCGGTTA	ATCAAGACAA	TCCTTCAATG	TATCATTTGT	240
	TTTATGGGGA	CGAAgTAGGT	ACAGCCGGAA	CAATTTTAAG	CTTTTTTGAA	ATTCCCAATG	300
5	CGGGTCATAA	GCAGCCAGGT	ACTGAAACGA	TTTATCGATT	TTCATTATTA	GTACCAAATC	360
	AAGCGGCACT	TCATTATTTT	GAAAAACGTC	TTGAGAATAA	TGGTATTAAG	TCTGAACGTT	420
	TGTACTATCT	TGGACAAGAA	GGTGTGTGCT	TTAAAGATGA	AGACGACTTA	GAAATCATAT	480
10	TGCTTGTTAA	TGATAGTTTT	GAAGTACCAC	ATCAATGGCA	ACATAACGCT	TATAGTGAAA	540
	TACCTCAAGC	ATATCAAATT	TTAGGAATAG	GGCCAGTCGA	ATTAAGAGTT	AGAAATGCAG	600
	CGCGTACGGT	AGAATTTTTG	GAAAATGTCT	TAGGTTATCG	CAAAAGAGAT	AATAAATCAT	660
15	TCGATGTGCT	GACATTAGCA	CCACAAGGTT	TATATTCCGA	TTTTGTAGTT	ATTGAGCAAC	720
	AGGGACAACG	TGAAAGACCT	GGACGAGGTT	ATATCCATCA	TATTGCAGTT	AATACACCAC	780
	AAATGAGTGA	CTTAGATGCA	ATTTACAAGA	AATTACAACA	ACAACCACAA	AGTAATTCAG	840
20	GTATAATTGA	TCGCTATTTT	TTTAAATCAT	TATACTATCG	CCATAATTCA	ATTATGTATG	900
	AATTTGCGAC	TGAAGCGCCT	GGATTTACTA	TTGATACACC	TGTTGAACAA	TTAGGAAGTC	960
	AATTGAACTT	GCCTGACTTT	TTAGAAGCAG	AACGTGAACA	AATTGAAAGT	AAGTTACACG	1020
25	AAATATAAAG	GAGAATGTTT	AATGGCCAAA	TTAGAAATGA	ATAAAAATAC	GCCTCTTGAG	1080
	TTTGGTTTGT	ATTCCTTAGG	TGATCATTTA	TTGAATCCAT	TGAAAGGTGA	AAAAGTTAGT	1140
30	TATGAGCAAC	GTATTAATGA	AATTATTGAA	GCAAGTAAAT	TAGCAGATGA	AGCAGGTATT	1200
	GATGTTTTTG	CAGTTGGTGA	AAGTCATCAG	GAGCATTTTA	CAACACAGGC	ACATACGGTT	1260
	GTGTTAGGTG	CAATTGCCCA	AGCGACAAAG	CATATTAAAG	TTTCAAGTTC	TTCAACGATT	1320
35	ATTAGTGCAC	AGATCCTGTA	AGAGTATTTG	AAGACTTCGC	GACATTAGAT	TTGATTTCTC	1380
	ATGGTAGAGC	CGAAATTGTA	GCTGGCAGAG	CATCAAGAAC	AGGTATTTTT	GACTTGTTTG	1440
	GCTATGATTT	AAAAGACTAT	GATGAATTGT	TTGAAGAAAA	ATTAGGTTTA	CTTTTAGAGT	1500
40	TAAATAAAAC	TGAGCGTATT	ACTTGGTCTG	GAAAATATCG	TCCAGAACTT	AGAAATATGA	1560
	AAATATTCCC	AAGACCAATC	GATAATATAT	TGCCAATATG	GCGTGCTGTT	GGTGGTCCAC	1620
	CTGCAAGTGC	TATTAAAGCG	GGAAAACAAG	GTGTGCCAAT	GATGATTACA	ACCCTTGGTG	1680
45	GCCCAGCAAT	GAACTTTAAA	GGTTCTATAG	ATGCTTATCG	TCAAGCGGCA	ACTGAAGCAG	1740
	GTTTCGATgc	TTCGCCTAAG	TCTTTACCAG	TAAGTACAGC	GAGTCTGTTT	TATACAGCTG	1800
50	AAACAACTCA	GGATGCTATG	AGAGAATTTT	ATCCACATTT	GAATACAGGG	ATGTCATTTA	1860
	TTCGTGGTGT	TGGTTATCCG	AAACAGCAAT	TTGCTAATTC	GTCAGATTAT	CGAGAAGCGC	1920

55

## EP 0 786 519 A2

	GTCATCAACG	TTTTATGGCA	CAGCTTGATT	TTGGCGGTGT	GCCATTTGAA	AATGTTATGA	2040
	AGAATATTGA	GTTAATTGGC	AACGACATTA	TACCGGCGAT	TAAAAAGCAT	TTATCAAAAT	2100
5	AGGAGGGGCG	TCATCATGAA	TATTGTATTA	TTGTCAGGTT	CCACAGTAGG	TTCTAAAACG	2160
	AGAATTGCTA	TGGATGATTT	AAAAAATGAA	CTAGAAGTCA	TCAATGAGGG	ACATCAAATA	2220
	GAGTTGATGG	ATTTACGAGA	ACTTGAATTA	GAATTTAGCG	TTGGAAAGAA	TTATCTAGAT	2280
10	ACTACAGGAG	ATGTATATAA	ATTAACGACG	TCGTTAATGC	AGGCTGATGT	GATTTTTATT	2340
	GGTTTTCCAA	TTTTTCAAGC	TTCCATCCCT	GGTGCTTTGA	AAAATGTGTT	TGATCTACTT	2400
	CCAGTCAATG	CGTTTCGTGA	CAAGGTAATA	GGACTTGTAG	CGACAGCAGG	TTCTAGTAAA	2460
15	CATTATTTAA	TTCTGAAAT	GCATTTAAAA	CCAATATTGA	GTTACATGAA	AGCACATACG	2520
	ATGCAAACGT	ATGTATTTAT	TGAAGAGAAA	GATTTTTCAA	ATCAACAAAT	TGTCAATGAT	2580
20	GATGTTGTAT	TTCGGTTAAA	AGCGTTGGCA	CAATCCACAA	TGCGAACTGC	CAAAGTACAA	2640
	CAACAAGTGT	TTGAAGAAGA	AAACAACCAA	TACGACTTTT	AAAGTATAAA	AATAAGACGC	2700
	TCGGCACACT	AAATTTGTAA	GTGTTTGAGC	GTCTTTTCAT	ATTAACTATA	TAGCCAATGA	2760
25	ACGACGATAA	AGGCAAGTGA	TGACAAGCAT	ATTGAGGTAA	TAATGATTGT	CATAAGCGGT	2820
	TTAAGTGCGC	GATTTTTAAG	ATCTTTAAAT	GCAACATTTA	ACCCTAAAGC	AACCATGGCC	2880
	ATTAATAAGC	AAATTGTTGA	TACAGTATTT	AAAATATTTA	GCAATGCTGA	CGGAATAGTT	2940
30	ACATATGTAT	TCACTAAGGC	CATAATGACA	AATCCAATTA	AAAAGTATGG	AATGCTTATT	3000
	CGACCCCTGC	TAGATGATTC	TGATGAACGG	AAACGCATAA	TTAAAATAAG	TACGATGGTT	3060
	AATGGAATCA	GTAAGAATAC	TCTACCAAGT	TTACCAAGAA	GTGCAATTTT	AAGTGCATCA	3120
35	CTACCACCAA	AGCCACCAGC	TAAGACAACG	TGTGCAATTT	CATGAAGACT	AACACCAGAC	3180
	CAAGCGCCAT	AAACATTTGT	CGTCATTGAA	AAGATAGCGT	AGATAGCTGT	ATATATAAGT	3240
	GAAATATCG	TACCAATCAA	TGCGATGATA	CCGATACTAA	TAGCTGTATC	CTTTTCACGT	3300
40	GATTTGAATA	TTGGAGCGAC	TGCGGCAATA	GCAGCAGCAC	CACAAACGCC	TGTGCCGACA	3360
	CCTAGTAATA	ATGCGATGTT	TTTGTCACCA	TGCAACAGTT	TGTTGACAAA	GAGCATCATT	3420
45	ACAATACTGA	AAATAACGAC	ACCTACATCG	ATGGCTAATA	GTTTACTACC	TTGACCGATA	3480
	ATATCGAATA	TATTGAGTTT	AAGTCCATAT	AGGATGATTG	CAAATCTTAA	TAAATATTTA	3540
	GATGAAAACG	TAATACCTGA	GCTATATTGT	TCAGGATATC	CTCTAAAGTG	ACGATATAGA	3600
50	ATAGCGATTA	ATATCGCGAT	AGTTAATGCG	CCAACCTTAT	CTAGGATTGG	CAATTTAGCT	3660
	GCTAAAAAGC	TAAATAATGC	GACTATAAAT	GTTAGTGATA	GCCCAATCAT	AAAATGCTTA	3720

55

## EP 0 786 519 A2

ATTTTAAAT ATAAATTTGG AATGAATAAT AAAGTAGTGA TTAAATTAAG TTGTGTGATA 3840  
 GGAAACTTGG ACATCAATCA AAGTAATAGG CACTACAACG CTTATTGGCG GGGCCCCAAC 3900  
 5 AAAGAAGCTG ACGAAAAGTC agCTTGcAAT AATGTGCAAG TTGGGGATGG GCCCCAACAT 3960  
 AGAGAAATTG GGTCCGTAAT TTCTACAGAC AATGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAG 4020  
 AATTTGAAA AGAAATTCTA CAAGCAATGC AAGTTGGGGA AGGACAACAA ATTTAAGATA 4080  
 10 CAATGCGTAA CATTAAATATG TTATTATAAT GATAATTTAC AGAATTATAT GAAAAATGAA 4140  
 TGAGGATGTG ATGGTATGTT TGGAAATGAAA GTGAATGAAC AAATAACATT AAAAAATTTA 4200  
 GAAGCTCATG ACACAGAAGC GCTTTTCAAT TTAGTCAATC GTTCAAGAAA TTCACTTAGG 4260  
 15 GAATGGTTAC CTTGGGTAGA TGCAACTGAG CAACCATCAG ATACGCGTGC ATTTATTAAA 4320  
 AGAGGACTTT TGCAATTTGC TGATGGTAAT GGATTTCACT GTGGCATTG GTATGAAGGA 4380  
 20 ACGCTAGTTG GTGTCATCGG TTTACATGAA ATTAATCACA TGCACAGAAA AACTTCATTA 4440  
 GGGTACTATT TAGATAAAGA ATTTGAGGGT CATGGGATTA TGACACAAGC AGTTGAGGCA 4500  
 TTGATAAAGT ATTGTTTCGA AGAGCTTGAC TTAAACCGAA TTGAGATTAG TGCCGCACTT 4560  
 25 AATAATGAAA AAAGCCGGGC TATTCCTGAA AGGCTGGGAT TTAGTAGAGA AGGTATGTTA 4620  
 CGTGACAATG AATTACTAAA TGGTATTTAT TCATCGAGTT ACATCTATAG TTTATTAAAA 4680  
 TCAGAATACG ACCAAAAATG ACAAATTAGA CTTACAAAAG AGTGATGACA TTTAAAATGG 4740  
 30 CAGCGCTCTT TTATTTAATT TTGAAAATA AAAGGTTGTT GACAGTATTA TTTTATAACA 4800  
 ATATAATGAT TTTGATAATT ATTATCAACT AGATGATGTT TATGGGAGGA TGCTTTAAAA 4860  
 CAGCCGTTTT AAGTGTAATG TATTATTTTA GCGTGTAGGG AATGCGAAAA TAATATTTAT 4920  
 35 AAGAACACAT CTATGGGGAT AATAGAATTT CTATAATGAG GTGTCAAAAT GAAAAAGTTA 4980  
 ACAACGCTAT TATTAGCATC AACGTTATTA ATTGCTGCAT GTGGGAACGA CGATAGTAAG 5040  
 AAGGATGATT CAAAGACATC GAAAAAAGAT GATGGTGTTA AAGCAGAATT AAAACAAGCA 5100  
 40 ACAAAGCAT ATGATAAATA TACTGATGAA CAGTTAAATG AATTTTAAAA AGGTACAGAA 5160  
 AAATTTGTTA AAGCGATTGA AAATAATGAT ATGGCCCAAG CAAAGCGTT ATATCCAAAA 5220  
 GTTCGTATGT ATTATGAACG CTCTGAACCA GTTGCAGAAG CATTGGGAGA TTTAGATCCT 5280  
 45 AAAATTGATG CACGTCTTGC AGATATGAAA GAAGAGAAAA AGGAAAAAGA ATGGTCAGGA 5340  
 TATCATAAGA TTGAAAAAGC ATTATACGAA GATAAGAAAA TTGATGATGT GACTAAAAAA 5400  
 50 GATGCACAAC AATTATTGAA AGATGCAAAA GAATTGCATG CCAAAGCTGA TACATTAGAT 5460  
 ATCACACCAA AATTAATGTT ACAAGGTTCT GTTGACCTAT TAAATGAAGT TGCAACTTCT 5520

55



EP 0 786 519 A2

	GTTGAAGGCG	CACAAAAAAT	TTATGACTTA	TTTAAACCTA	TTTTAGAGAA	AAAAGATAAA	5640
	AAATTAAGTG	ATGATATCCA	AATGAACTTC	GATAAAGTGA	ATCAATTATT	GGATAAATAT	5700
5	AAAGATAACA	ACGGCGGTTA	TGAGTCATTT	GAAAAAGTAT	CGAAGAAAGA	CCGTAAAGCA	5760
	TTTGCGGATG	CTGTTAATGC	ATTAGGAGAG	CCACTAAGTA	AAATGGCTGT	GATTACTGAA	5820
	TGACAAATTA	TGAACAAGTT	AACGATAGTA	CGCAATTTTC	AAGACGTACA	TTTTTGAAAA	5880
10	TGTTAGGTAT	TGGCGGTGCC	GGTGTTGCAA	TTGGCGCAAG	TGGTGTGGT	AGCATGTGGT	5940
	CTTTCAAATC	AATGTTCAAT	ACACCAGAAG	ATCCGGAAAA	AGATGCGTAT	GAATTTTATG	6000
	GTAAAGTGCA	ACCAGGCATT	ACCACACCCA	CGCAAAAAAC	ATGCAATTTTC	GTTGCGTTAG	6060
15	ATTTGAAGTC	AAAAGATAGA	GATGCAATTA	AGGCAATGTT	TAAAAAGTGG	ACGGTTATGG	6120
	CTGATCGTAT	GATGGATGGT	GATACAGTTG	GCAAGCCGAG	TAACAATCCT	TTAATGCCAC	6180
20	CAGTAGATAC	CGGTGAATCG	ATAGGATTAG	GTGCAAGCAA	GTTAACGATT	ACCTTTGGGA	6240
	TTAGTAAGTC	TTTGATGAAG	AAAATTGGGT	TATCTAGTAA	AATTCCCGAT	GCCTTTAAAG	6300
	ATTTACCGCA	TTTTCCGAAT	GATCAGTTAA	TAGACGATTA	CAGCGATGGT	GATATTATGA	6360
25	TTCAAGCATG	CTCAAATGAT	TCGCAAGTAT	CCTTTCATGC	GGTTCATAAT	TTAGTTCGTC	6420
	CATTTGAGTA	TATTGTAAAG	GTACGTTGGG	CGCAATCTGG	TTTTATCTCT	GCTAAAGGTA	6480
	AGGAAACACC	TAGAAATTTA	ATGGCATTTA	AAGATGGAAC	AATTAATCCT	AGGAAGAATA	6540
30	ATCAACTTAA	AGATTATGTG	TTTATTGATG	ACGGATGGGC	GAAACATGGA	ACTTATTGCG	6600
	TTGTCAGACG	TATTCAAATA	CACATTGAAA	CGTGGGATCG	TACTGCGCTG	GAAGAACAAG	6660
	AGGCTACATT	TGGTCGGAAA	CGACATAGTG	GTGCACCGTT	AACAGGTGGG	AAAGAGTTTG	6720
35	ATGAAATTGA	CTTAAAGCG	AAAGATAGTC	ATGGCGAGTA	TATTATTGAT	AAAGATGCCC	6780
	ATACGAGGCT	AGCGAAAGAA	GCAAATACGT	CAATTTTACG	TAGAGCCTTT	AATTATGTGG	6840
	ATGGTACGGA	TGACCGCACA	GGTAACTTCG	AAACAGGCTT	ACTTTTTATT	GCTTTTCAAA	6900
40	AAGCGACAAA	ACAATTTATC	GATATACAAA	ATAATTTAGG	TAGTAATGAT	AAATTAAATG	6960
	AATATATTAC	ACATAGAGGT	TCTGCTTCAT	TTTTAGTATT	ACCAGGTGTT	AGTAAGGGAG	7020
45	GATACCTTGG	TGAAACATTA	TTTGACTAAA	TTTGTAGCAA	TGCTAATAAC	TGCTGCTATG	7080
	GTGTGTAGCT	TTGGGTTACT	GAAAAGTCAG	GCAGCAGAAC	AACAAAGTAT	TAGTGATGTA	7140
	TATAGTGTGA	TAACGGATGC	GAAATCTGCA	CTTCTAATA	ATTCGATATC	GAATGACAAAT	7200
50	AAGCAGAAAG	CAATTGAGCA	AGTGGTAAGT	GCAGTTAAGA	AATTATCGCT	TGAAGATAAT	7260
	AGTGAAAGTA	ATGCTGTCAA	ATCAGATGTG	AGAAAGCTTG	AAGATGCAAA	AGCGAATGAT	7320

55

## EP 0 786 519 A2

	GCTAGTAAAG	ATGCGGGTTC	TAAAATTAAA	CTATTGCAAC	AGCAAGTCGA	TGCTAAAGAT	7440
	GCTGCGATGA	CAAAGCGAT	TAAAGATAAA	AATAAAGCGG	AATTAGAATC	TTTGAACAAT	7500
5	AGTTTGAATC	AGATTGGAC	AAGTAATGAA	ACAGTGATTC	GCAATTATGA	CGCAAATCAA	7560
	TATGGACAAA	TTGAAGTCGC	ATTATTACAA	CTTAGAATTG	CAATTCATAA	GTCACCATTA	7620
	GATACGGCAA	AAGTGTCA	TGCTTGGACA	ACTTTTAAAT	CAAATATTGA	TCATGTCGAT	7680
10	AAAAAAGTA	ATACGTCTGC	AAATGATCAA	TACCATGTAT	CACAATTAAA	TGATGCGTTA	7740
	GAGAAGGCGA	TTAAAGCTAT	CGACGACAAT	CAATTGTCGG	ATGCTGcaTg	TGCGCTTACA	7800
	CATTTTATAG	AAACTTGGCC	GTATGTTGAA	GGTCAAATTC	AAACTAAAGA	CGGTGCTTTG	7860
15	TATACGAAAA	TTGAAGATAA	AATACCATAT	TATCAAAGTG	TATTAGACGA	ACATAATAAA	7920
	GCACATGTGA	AAGATGGTTT	AGTAGATTTA	AATAACCAAA	TTAAAGAGGT	TGTTGGCCAT	7980
20	AGTTATAGCT	TCGTCGATGT	GATGATTATC	TTTTTACGTG	AAGGGCTAGA	AGTGTGTGTA	8040
	ATTGTAATGA	CATTGACTAC	CATGACGCGT	AATGTAAAAG	ATAAGAAAGG	GACTGCAAGT	8100
	GTGATTGGTG	GTGCAATTGC	CGGACTTGTA	CTGAGTATTA	TCTTAGCAAT	TACGTTTGTA	8160
25	GAAACTTTAG	GGAATAGTGG	CATTCTTCGT	GAAAGTATGG	AAGCGGGATT	AGGTATCGTT	8220
	GCGGTCATAT	TAATGTTTAT	CGTTGGTGTT	TGGATGCACA	AACGTTCAAA	TGCAAAACGT	8280
	TGGAATGACA	TGATTAAAAA	TATGTATGCT	AATGCGATTA	GTAATGGTAA	TTTGGTATTG	8340
30	TTAGCGACGA	TTGGTTTAAT	ATCTGTGTTG	CGTGAAGGTG	TCGAGGTTAT	CATTTTCTAT	8400
	ATGGGGATGA	TAGGTGAGCT	AGCGACCAAA	GATTTTATTA	TGGTATTGTC	TTTAGCTATC	8460
	GTTATTTTAA	TCATCTTGTC	ATTATTATTT	AGATTTATAG	TTAAATTAAT	ACCTATTTTC	8520
35	TATATATTTA	GAGTGTGTGC	GATCTTTATT	TTTATTATGG	GATTCAAAAT	GCTTGGCGTA	8580
	AGTATTCAAA	AGTTACAATT	ATTAGGTGCG	ATGCCAAGAC	ATGTTATTGA	AGGATTCCCA	8640
	ACGATTAACT	GGTTGGGCTT	TTATCCAAGT	TATGAACCAT	TGATAGCACA	AGGTGCTTAT	8700
40	ATTATGGTAG	TTGCTATCTT	AATCTTTAAA	TTTAAAAAAT	AAAAAACAGG	CCGAGTGCCCT	8760
	GTTTTTTTTG	TTGCTATATT	GGAAATATTC	GGTATTGCAG	TATAACGATA	ATCACAGCAT	8820
	TGATTCGTAT	AAGGTTAATG	TGTTGGCGGT	TGCCTCGGC	ATGTGAACTT	AACGATGAAC	8880
45	ATACTGAACT	CAAAGAGCAA	TATGAGTGGC	AATGTGAGTA	ATATATTTAA	TGTTAAATCG	8940
	GGTGGTGCAA	TGATACTTGC	TAATACAAAG	CAAGCGAAAT	AAATATATTT	ACGTAAATGT	9000
50	TTCAATGATG	TGGTATCTAT	AAGACCGAAT	TTTGCAAGAC	CCATAAATAA	TATTGGTAAT	9060
	TGAAATAGAA	GACCAAATGT	GAATAACCAA	CGTATGAGTT	CAATCAAATA	TGCTTTAAAG	9120

55

EP 0 786 519 A2

GGAAAGCCAA CATAAAATGC AAAAGCGACG CCAGCACAGA ATAATAACAC GCTGAAAAAA	9240
CTATATTTAT AAATAAATTG ACGTTCATTA TTATGTAATC CAGGTGCAAT GAATGCCCCAC	9300
5 AATTGATAAA	9310

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 317:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3458 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 317:

ATTAGTATTA CACACTAATG TAAATAGATT GGTGGAGAA GAGATATTTG CTAATAAGTG	60
CCTTGCTAAT AATGATGTTT AAATTATGAA TTCAATAAAA AAATTAATTG AAGCTGAGTT	120
ATTAACAACG ACTAATGATT TTGAAGTTAG TATATATAAA AAGACAAGAC CTGAATTACA	180
AAGTATTTTA AAAAGTTTTG GTATAAAAAC AACAGGTAAT AAACCTGACT TAATTAAACG	240
25 TATTGACGAC AATTTTCATA TTATTAATAA CTTAGATTTA CCATATGTAT ATATACCAAT	300
TAAGAAAGGA GAAGAAATTT TAAAGAAAAC AGAGTACTTA ACCTCTTTTA TACAAAGTTA	360
TGGTGAAATT TCTCTTGAGC GTGCTTATTA TTTGGTTGAA AACTATATAG ATGAAAATTG	420
30 CGATGATAAA GTTGCAGAAA TATACAAGTT TGAATTTCAA AGAAAATATG ACAATGGCGA	480
GTTTGATTTT AATCATGGAT ATAATTTCTGA ATTGAATATG TTGATAGATC ACTATAAAAG	540
AGATGTAAAA GACTACGATA ATGCCAGAAA GTATTCAAAT ATTTATCTTT ACTTTGGTTT	600
35 GAGAGATTTT TAAAAAAT TAATGAGTAA TTATTCATAT TACGATAGTA AAGGGAATAT	660
AGATTTGAAC GAAATACAAA ACGATCTGAA TAGATTTATC AACTCTAGCG CTTCTGGTAT	720
GTACGAGCGA TTAATATATA ATGAAAATTT ATCCAATAAT ATTATGTTTG AATTATTTAA	780
40 AAAGGACACA CAAGATTATA GTGATTTGGA AGAACAATTG ATTGAAAAGT TCATAAACTA	840
TGTAGTGTCT AATGTAAAAA AAGAAAGTAG GAGTAATACT CTTATAGAGT TATCAAAAAT	900
TTTAGAGAAC GGATATACAA TTGATAAAGA AGAATTTAAA AAAGAAGATG ATTATCTTTC	960
45 TAAGTACATA TTTACTGACA TAGATTATTT GAAAAAGTTA GAATCAAAAA TAAACGTTGC	1020
TATTGATATT CGAAGTGGAG AAATTCATTT GGTATTAGAT GATGATAGCC TTGATATATT	1080
50 AATACAAAAT CAAAAATACG GCAATGAGTT TTGAGTCATA ACTAAATATA ATATGTTGAA	1140
GAGAGGTTTT ATTTAAATGG CTAAAATTGG TTATGATCGT GTATCAACGA AAGATTAATA	1200

## EP 0 786 519 A2

	AACGTACAGA	GCTTGTTAAG	TGTTTAGATT	ATTTACGAGA	GAGCGACACA	TTAGTTGTCT	1320
	ATCAACTTGA	TCGGTTAGGT	AGAACGACAA	AACTATTaAT	TGAATTaTCA	CAATGATTCTG	1380
5	ATGATAACGG	AATTGACTTA	CAAATTAGTA	ACATGAACAT	TTCAACGAAA	GACACAATGG	1440
	GCAAAATGTT	TTTTACGATG	ATGAGTGCA	TTTTCaGGAT	TAGAAGTTAA	TTTACTATGT	1500
	GAGTGTATAA	AATAGACTTA	GCAGCAACAA	GAGCGAGAGG	CCGAAAAAGC	GGGCGCCCCCT	1560
10	CTTTACCAGA	GAATAAAAAA	TGAGAAATTA	AATTTTATA	TGATGAACAA	ACGATAACAG	1620
	GGGAAGAAAT	AGCTAGTTAG	ACAAGGGTAT	GTCACCTAAC	TGTTTATCGA	GTTGATTAAG	1680
	AAATGAAAAA	ACTTATACTA	TGAATTACTG	TTTAAAAGTG	TGCATGTTAT	AATATTTATT	1740
15	GAGCAAGTTG	GATAGATGGT	GGCTAATCTC	TTAATAAAGG	GGTGATGCCT	ATGGTTATAG	1800
	TTGTTACTCC	TAGnAAAGGA	CTAGCATGTC	TGATTTTGAA	ATGCTTATGG	TTGTATTAA	1860
20	AATCATTGGT	TTAGTATTGA	TTAGTACTCA	AGACCATAAA	AAATaCCCTT	CTATTCGCTT	1920
	TGACCGGCAT	TTTTGAAGGC	TATTTTAA	TAAATATAA	GGTCACCGTC	TTTTTAACGG	1980
	GCTCATTAGG	GTAACATGTT	TCCGAGTGTT	GCCCTTTTGG	TGTTTCAAGA	GTTAATGATT	2040
25	TTCATCTTTT	GCTTCTACTT	GCTACAAATA	TATTTTAA	CATTTTCTT	ATGAATTGTA	2100
	GTTCTGAACA	TAATCAGAAT	TAATAAAACC	AACTTTCCAT	ACAGCAGAAA	ATACAATTAA	2160
	AAGTATAGAA	TGTAATCAG	AATTATATAA	AAAGTATTGG	AGACCTCTTC	ATATATAGAT	2220
30	AATTCACTTA	GTTATTTTAG	AAAGAAGCCC	CTAaCAACTA	AAGTTGAAAA	ATAGAGGAAC	2280
	ACAGTTgGAT	TACGCATCAA	CTGCATaAg	CCCCTAAmAA	CTAAAGTTGT	AAGGGGcyCT	2340
	AAAATTTATT	TTGGTTGATT	GTCTTCTGGT	TTATCTGAAG	TCATTGTTTT	TGTTGTATTA	2400
35	TCATTTAATG	AATCTTGTGC	TTTTTCTGTT	TTTGTTTCAA	CAGATGTTGT	CACTTTATCA	2460
	TTTTCTACTT	TTGTATTTTT	TGGTTCAGTG	ACAACCTTTT	TATTCTTGTC	AGCTGTTTTT	2520
40	ACTTTATCTT	TAGTAATTTT	TTGACCACGT	TTTAAGTAAT	ATTGAACGAT	ACCCATTAAA	2580
	ATGATTGCAT	GAATAACAAC	GAATAAAATA	ATTGTCATTA	CTGTATAAAC	TCTTATGATA	2640
	TTTTCTGCAA	CACTTTGAGA	GAGTGATTGC	GTATTAAATG	AAATCAAGTA	ACCAACAGGT	2700
45	GTTTTAAATA	AAATAATAAT	TAAGTTTAAT	AATAGTATTC	CAATGAAAAA	TTTGAAAAAT	2760
	GTTTTTTGAC	CATTTTTCAT	TGCTTTAAAT	CCATTAGCTA	AGTGTGTTTT	TACTTTATCG	2820
	TTAGTTGATT	CaACGAAACT	AGTCaTAAAG	TTGAAAATAG	GTATTAACAA	TAACCAAGTA	2880
50	ATAATTGCTT	TAATCAATAA	AACAACAATG	ATTATGATGC	TTTGAGTTGT	AATAGCAATA	2940
	CCAATCAGGT	GTGTACTATC	TGCATATGAT	GATTGTACTG	AATTCATAAT	CATTTCTGAT	3000

55

ATAGATACAA GACCGATCAG AACGCTCTTT AAATAATTAC CTTTTTTAAA TGCAATAAAT 3120  
 AAATCGGTAA ATTTTACTTT TTCATGACTC ATTGCTCGTT TCATAACATT TGTAATTCCG 3180  
 5 ATAAAAATTT GAACTAAAAC AAACAGTGAA ACTACAGCTG CTATAAGTAA TACAGCGATA 3240  
 ACTTTTAAAT ATGCATCTAC TGGTGGTTTT TGCCCAAATT GTGAATAAAT TGCAATAGTT 3300  
 TGTGCATACT TAGCAAGCTG GAAATTAGCA AGTAAATATA CAACTGCAAT TACAGCAAAT 3360  
 10 GCTATAAGTG CATATATCAA TGTTATTAAT AATTGTGGTT TAGCATTTTT AAATGCTGAT 3420  
 TTAAAGTAAG TAAACAAAGT GGTGCCTCCT TTTCTTCA 3458

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 318:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 695 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 318:

25 GCTTGCAAGA TGCTTTCATT AAAGACAAAG TCATCGATAT TATGAATATG TTCCAAAATC 60  
 ACACTGATAT CACTTATACG TTGAATAAGT CTCATGCACA TATTATATGT ACGCCAGAA 120  
 TATTTGCTAA ATTGTTACAT ACGATTGCAA CTAGAAATAT CGACATTCTA TCTGCCAATT 180  
 30 ATAGATCGTC ATCTATGAGC AAAGCTCGTA TATCATAATA AAAGACACAT CTATACGATG 240  
 ATCATTTACA ATGATTGCGT ATAGTGATGT GTCTTTTTTT GTATTATTTA TCTTCGGAACG 300  
 ATTGATCCTC AACCATTGTG TCAAATGCTT CACGAACTTG TGGTACTGTC ATACCTACTA 360  
 35 CAACTTGGAT ACTCTTACCA CTCTTTACTA ATCCGTGTGC CATTGTGTTGA TGCCTGAAAT 420  
 ATTCCGTATC TGCAACTTTA CTTTCATCAT AAACAGTTAA GCGTAATCTT GTTGACAGT 480  
 TAGTAACATC TTTGATATTT TCTTTGCCGC CTAACCGTC GAGGTAATAT GCAGCTTTGT 540  
 40 CTTCGTATTC ATTACCAGAT GAAGCACGTT TAGAATCTAC GCTATCACCT TTTTATTTT 600  
 TGTAATCTTG CTTAGAAAAT AATTAACTT CCTCTTCTGT TTyCTTACGT CCAGGTAATG 660  
 45 GAATATCAAA TTyCAAAATT AAGAATCTGA ATAAG 695

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 319:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 875 base pairs  
 50 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 319:

	AATATTGaTa TTATATATAG TCGAATCaAT GATGACCCaC ATCGACCLAA TGCAAATAAT	60
5	AAGACAATCA AGCAGTTAAA TGACTTGTAT TGCTCGCGGA ATTTAAGATA TAATGAAATC	120
	GCATTCAAGA AATTGATAG TCATTGCTA TCAATTTCAG AAATATATTA TGAATTGCTA	180
	AATTTAATAA AAGCGAGTGA TCAGTATTAG AGAGAATAGA GCGTTAAGAC TCTATCGCCG	240
10	AAGtGCAAGT AATTTATTAC GAAACTCTCA GGcAAAAGGr TAATACTGTA ACGCGTTCCT	300
	GAATTGGTGA TTTATAAACA GGGTAGCGAT TGCTATCCTG TTTTATAAT TTTAAGGGGG	360
15	TATTTCAATG TCAAGTGATT TAAACAAAC ACCTTTATAT CAAAATTATG TTGATAGAGG	420
	TGCAAAAATT GTGGAATTCG GAGGATGGGC GATGCCTGTT CAATTTTCAA GTATTAAAGA	480
	GGAGCATAAT GCTGTTCGAT ACGAAATTGG CCTGTTTGAT GTTAGTCATA TGGGTGAAAT	540
20	TGAAGTAACA GGTAAAGATG CTAGTCAGTT TGTGCAATAT TTATTATCAA ATGATACTGA	600
	TAATTTAACT ACTTCAAAAG CATTATATAC TGCTTTATGT AATGAAGAAG GCGGTATTAT	660
	TGATGATTTA GTAATATATA AATTAGCTGA CGACAATTAT TTATTAGTTG TTAATGCTGC	720
25	TAATACTGAA AAAGATTTTA ATTGGATTTT AAAACACAAA GAGAAATTG ATGTTGAAGT	780
	ACAAAATGTA TCAAACCAAT ATGGTCAATT AGCAATACAA GGACCAAAAG CtAGAGATTT	840
	AATTAATCAA TTAGTTGATG AAGAkGTAAC TGAAA	875

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 320:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5897 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 320:

40	TCTTTTTACG AAGGCTACCG TTTAGGATCT GATAACTTAA CTGTAGGAGA AATTGTATTT	60
	AATACAGCGA TGACAGGTTA TCAAGAACT ATTTCAGATC CATCATATAC AGGTCAGATC	120
45	ATTACTTTTA CGTATCCATT AATCGGTAAT TATGGTATCA ATAGAGACGA TTTTGAATCA	180
	TTAGTACCTA CATTAAACGG TATTGTAGTG AAAGAAGCGA GTGCGCATCC AAGTAATTTT	240
	AGACAGCAAA AGACACTTCA TGACGTTTTA GAATTGCATC AAATTCCAGG GATTGCAGGT	300
50	GTTGATACAA GAAGTATTAC GCGTAAAATT CGACAACACG GTGTGTTAAA AGCTGGTTTT	360
	ACTGATCGAA AAGAAGATAT TGATCAACTT GTCAACATT TACAACAAGT AGAATTACCT	420

	AGTGTCGTAC TTGTAGACTT TGGTAAGAAG CAAAATATTG TTCGAGAATT AAACGTCAGA	540
	GGTTGTAACG TCACAGTTGT ACCATATACA ACTACTGCCG AAGAAATTTT AGCAATGGCT	600
5	CCAGATGGCG TTATGCTATC AAACGGACCA GGTAATCCTG AAGTTGTAGA ATGTGCGATT	660
	CCAATGATTC AAGGAATTTT AGGGAAAATT CCGTTCCTTG GTATCTGTCT AGGACATCAA	720
10	CTTTTTGCAT TATCTCAAGG AGCAAGCTCA TTTAAATGA AGTTTGGTCA TCGTGGTGCG	780
	AACCATCCAG TTAAAAATTT AGAGACTGGA AAAGTTGATA TTACGAGTCA AAACCATGGA	840
	TATGCAATAG ATATAGATTC GTTAAAAAGT ACTGATTTAG AAGTTACTCA TCTTGCAATTA	900
15	AATGATGGTA CTGTAGAAGG TTTAAACAT AAAACATTAC CAGCATTTTC TGTTCAATAC	960
	CATCCTGAAG CAAATCCAGG ACCGTCAGAT TCAAACATC TATTTGATGA TTTTGTAGCA	1020
	ATGATGACTA ATTTTAAGGA AAAGGAGCGT CATATCAATG CCTAAACGTA ATGATATCAA	1080
20	AACAATTTTA GTAATAGGGT CTGGGCCAAT TATCATAGGT CAAGCAGCTG AATTTGATTA	1140
	TGCTGGAACA CAAGCATGTC TAGCTTTAAA AGAAGAGGGA TATCGAGTTA TTCTTGTA	1200
	TTCAAATCCA GCGACAATCA TGA CTGATAA GGAAATTGCG GATAAAGTAT ATATCGAACC	1260
25	GTTAACTCAT GATTTTATAG CGCGAATTAT ACGTAAAGAG CAACCTGACG CTTTACTTCC	1320
	AACTTTAGGT GGTCAAACAG GTTTAAACAT GGCGATTCAA CTACACGAAA GTGGTGTGCT	1380
	TCAAGATAAT AACGTCCAAT TATTAGGAAC TGAGCTAACA TCAATTCAAC AAGCAGAAGA	1440
30	CCGTGAAATG TTTAGAACAT TAATGAATGA TTTAAACGTT CCTGTACCAG AGAGTGACAT	1500
	TGTAAATACA GTAGAGCAAG CCTTTAAATT CAAAGAGCAA GTGGGATACC CGCTAATTGT	1560
35	TAGACCGGCA TTTACGATGG GTGGTACCGG AGGCGGTATT TGTCATAATG ATGAAGAATT	1620
	ACATGAAATC GTCTCAAATG GTCTTCATTA TAGTCCAGCA ACGCAATGTT TATTAGAAAA	1680
	ATCTATCGCA GGTTTTAAAG AAATCGAATA CGAgTAATgC GTGaTAAAAA CGATAATGCC	1740
40	ATCGTTGTAT GTAACATGGA AAATATTGAT CCAGTTGGTA TTCATACAGG CGATTCAATT	1800
	GTTGTGGCTC CTAGTCAAAC ATTATCAGAT GTTGAGTATC AAATGTTACG TGATGTTTCA	1860
	TTAAAAGTTA TTCGAGCTTT AGGTATCGAA GGTGGTTGTA ATGTTCAATT AGCATTAGAT	1920
45	CCCCATT CAT TCGATTATTA TATTATAGAA GTAAATCCG GTGTATCACG TTCATCAGCG	1980
	TTAgCTTCAA AAGCAACAGG ATATCCTATT GCAAAATTAG CTGCTAAAAA CGCGGTTGGT	2040
	CTAACATTAG ATGAAATGTT AAATCCAATT ACAGGAACAT CTTATGCAGC GTTTGAACCA	2100
50	ACTTTAGACT ATGTGATTTT AAAAATACCA AGATTTCTTT TTGATAAATT TGAAAAAGGA	2160
	GAACGAGAGC TTGGCACACA AATGAAAGCA ACAGGTGAAG TTATGGCCAT TGGTCGAAC	2220

55

## EP 0 786 519 A2

	TTACCAAATG GTGAAAGCTT CGATCTTGAT TATATTAAAG AACGTATTTT ACACCAAGAT	2340
	GATGAACGAT TATTTTTTCAT CGGCGAACAA TTAGAAGAGG CACAACATTA GAAGAAATTC	2400
5	ATAATATGAC TCAGATTGAT TACTTCTTCT TACACAAGTT CCAAAACATT ATTGATATTG	2460
	AGCATCAATT AAAAGAGCAT CAAGGTGATT TAGAATATCT TAAATATGCA AAAGATTATG	2520
	GATTTAGTGA TAAAACAATA GCGCATCGCT TTAATATGAC GGAAGAAAGAA GTATATCAAT	2580
10	TGCGTATGGA AAATGATATT AAACCTGTTT ACAAGATGGT TGATACTTGC GCAGCTGAAT	2640
	TTGAATCTTC AACACCATAT TATTATGGTA CATACGAAAC TGAAAATGAA TCCATAGTTA	2700
	CTGACAAAGA AAAAATCTTA GTATTAGGCT CTGGACCAAT TCGAATCGGC CAAGGTGTAG	2760
15	AATTTGACTA TCGGACAGTT CACGCCGTTT GGGCAATTCA AAAAGCAGGG TACGAAGCGA	2820
	TAATTGTGAA TAACAATCCA GAAACAGTTT CAACAGACTT CTCAATTTCT GACAAATTAT	2880
	ACTTTGAACC TTAACTGAA GAAGATGTGA TGAATATCAT TAATTTAGAA AAACCTAAAG	2940
20	GTGTCGTTGT ACAATTTGGA GGACAAACAG CGATTAATTT AGCAGACAAA TTGGCTAAAC	3000
	ATGGTGTTAA AATACTTGGT ACTTCACTAG AAAATCTAAA TCGTGCTGAA GATAGAAAAG	3060
25	AATTTGAAGC ACTATTAAGA AAAATTAACG TGCCACAGCC ACAAGGGAAA ACAGCTACAT	3120
	CACCTGAGGA AGCATTAGCG AATGCTGCAG AAATCGGATA TCCGGTTGTA GTAAGACCTT	3180
	CTTATGTATT AGGTGGTCGC GCAATGGAAA TTGTAGACAA TGACAAAGAG TTAGAAAAC	3240
30	ATATGACCCA GGCTGTAAAA GCGAGTCCGG AACATCCGGT ACTAGTCGAT AGATATTTAA	3300
	CTGGTAAAGA AATTGAAGTT GATGCGATTT GTGATGGAGA AACGGTCATT ATTCCAGGAA	3360
	TCATGGAACA TATTGAACGT GCTGGTGTGC ATAGTGGTGA CTCAATCGCT GTATATCCAC	3420
35	CACAACTTT GACAGAAGAC GAGTTAGCAA CACTTGAGGA CTATACTATA AAATTAGCTA	3480
	AAGGTTTAAA CATCATTGGC TTAATCAACA TTCAATTCGT TATAGCTCAC GATGGTGTGT	3540
	ATGTTTTAGA AGTAAATCCA CGTTCTAGTA GAACGGTACC ATTCTTAAGT AAAATTACTG	3600
40	ATATTCCAAT GGCACAATTA GCTATGCGAG CAATCATTGG GGAAAACTA ACAGATATGG	3660
	GTTATCAAGA AGGGGTTCAA CCATATGCTG AGGGTGTCTT TGTGAAAGCA CCAGTATTTA	3720
45	GTTTTAATAA ATTGAAAAAT GTTGATATTA CTTTAGGACC TGAAATGAAG TCAACAGGTG	3780
	AAGTGATGGG GAAAGATACT ACATTAGAAA AGGCGTTATT CAAAGGGTTA ACAGGTAGTG	3840
	GCGTTGAAGT TAAAGATCAC GGTACAGTAT TAATGACCGT CAGTGACAAA GATAAAGAGG	3900
50	AAGTTGTAA ATTGGCACAA CGCTTAAATG AAGTTGGCTA TAAAATTTTA GCAACGCTCTG	3960
	GAACAGCTAA TAAATTAGCT GAGTATGACA TACCTGCAGA AGTAGTAGGC AAAATTGGTG	4020

55



TGA C T A A A G G T A A A G A A G T A G A A G G G A T G G C T T C C A A A T T A G A C G T A C T A C A G T T G A A A 4140  
 A T G G T A T T C C A T G T T T G A C A T C T T T A G A T A C A G C T A A T G C C T T A A C G A A T G T A A T T G A A A 4200  
 5 G T A T G A C A T T T A C A A T G C G T C A A A T G T A A A T C A A T C A A A C T G T A T C G G T G G G C T G T A A T 4260  
 T A A C C A T T T A C T T A A A G A A G T T T A T A T T A C A G C C T C A T T A T T T A A T G A A T T T C T T A A T A 4320  
 T A A A G G G A G A C a T A T A T G A T G A A A G A T T T A C C A A T T A T T G C A T T A G A T T T G A A T C A A A A 4380  
 10 G A A A A A G T A A A T C A A T T T T T A G A T T T A T T T G A T G A A T C A T T A T T C G T A A A A G T A G G T A T G 4440  
 G A A C T T T T T T A T C A A G A A G G T C C T C A A T T A A T T A A T G A G A T A A A G A A A G A G G C C A T G A T 4500  
 15 G T A T T T T T A G A T T T A A A A C T G C A T G A T A T T C C T A A T A C A G T T G G T A A G G C G A T G G A A G G A 4560  
 C T A G C T A A A T T G A A T G T T G A T C T G G T A A A T G T T C A T G C T G C T G G T G G C G T A A A A T G A T G 4620  
 T C T G A G G C C A T T A A A G G A T T A A G A A A C A T A A T C A A G A T A C A A A A A T T A T T G C A G T A A C A 4680  
 20 C A G C T T A C G T C A A C A C A G A A G A C A T G T T A C G A C A G A A C A A A T A T A C A A A C A T C G A T T 4740  
 G A A G A G G C C G T T T T A A A T T A T G C C A A G T T A G C A A A T G C A G C T G G T T T A G A T G G C G T T G T T 4800  
 T G T T C A C C T C T T G A A A G T C G T A T G T T G A C T G A A A G T T A G T A C A T C A T T T T T A A A G T A 4860  
 25 A C A C C A G G T A T T A G A C C T A A A G G T G C A T C T C A A A A T G A C C A A C A C C G T A T T A C G A C A C C G 4920  
 G A A G A A G C A A G A C A G C T T G G T T C G A C G C A T A T T G T A G T C G G T A G A C C G A T T A C A C A A A G T 4980  
 G A C A A T C C A G T C G A A A G T T A T C A T A A A A T T A A A G A A A G T T G G T T A G T A T A A T G G C T A A A G 5040  
 30 A A A T T G C A A A A T C A T T A T T A G A T A T T G A A G C T G T A A C A T T A T C A C C A A A T G A T T T A T A T A 5100  
 C A T G G A G T T C A G G T A T T A A A T C A C C G A T T T A C T G T G A T A A C C G T G T T A C G T T A G G T T A T C 5160  
 C T T T A G T T C G A G G C G C A A T C C G C A T G G T T A A T T A A C T T A A T T A A G A A C A C T T T C C T G 5220  
 35 A A G T A G A A G T T A T T T C T G G T A C T G C A A C A G C T G n T A T T C C A C A T G C A G C T T T A T T G C T G 5280  
 A A A A A T T A A A A T T A C C A A T G A A T T A T G T T C G T T C A T C A A A T A A G A G T C A T G G T A A G C A A A 5340  
 40 A T C A A A T C G A A G G T G C T A A A A G T G A A G G T A A A A A G T A G T T G T G A T A G A A G A T T A A T T T 5400  
 C G A C A G G G G A T C T T C A G T C A C A G C A G T T G A A G C C T T A A A A C T A G C A G G T G C A G A A G T A T 5460  
 T A G G T G T T G T A G C T A T C T T T A C T T A C G G T T T G A A A A A A G C A G A T G A T A C A T T A G C A A T A 5520  
 45 T T C A A C T A C C T T T T T A C A C T T T A A G T G A T T A C A A T G A A T T A A T T G A A G T A G C T G A m A m T G 5580  
 A A G G T A A A A T T T C T A G T G A A G A T A T C C A A A C A T T A G T T G A A T G G A G A G A C A A C T T A G C A T 5640  
 A A T A T A G A C A C T A G A A G G A G G A A T T C A A C A A A T G A A T G A C A A A A C A T C T A A T G A T T T A T A 5700  
 50 T G G G A A G A T A A A C A T T G T A A C G A A T T T A T C A A T C A T T C A A A T G A T T C C A A T C T A T C T A G 5760  
 T A G T C A C G A T G T C G A C G A A A G T T C A A C G A A G C A A A A A C A T A T A A A A A A T A A A C A A C T A T 5820

55

TTAAAAACAA AAAAGCT

5897

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 321:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 7965 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 321:

15	TCATTCTAAA TCAACTTATT TTCCATTGCA TAAATTGCTG CTTGTGTACG ATCGCTAACT	60
	TGTAATTTAC TAAATATATG ACTGACATGT GTTTTAATTG TTTTTCAGA TACAAATAAA	120
	GTTTCGCAA TCTCTTTATT TGTTTTACCT TTAACCATTT CACGTAACAC TTCAATTTCT	180
20	CTCTTTGACA ACTTATTCGT GTAGTGTGGT TTTTGGCTAA CTGTTTCGAA TACATCTTGT	240
	GCCTTAGGAT GTATCATTTT TTCACCGTTC ATAACCTGTC TAATAGTTTC AATTAATTGC	300
	TGAGGCTCAA CGTCTTTCAT TTCATAACCA TCAGCACCTT TATTGATTGC TGAAATTACA	360
25	TGTTTCATCAT CAACATAACT TGTTAATACC AAAACTTTAA TATCCGGATA ATGTGCCTTA	420
	ATATATTCCG TAATTTCAAT ACCATTCATG CCAGGCATCA CTAAATCTAA TAGCACAATA	480
	TCAGGGTGCT CATGCTCTTT TAAATATTCT AAAAATGTTT CTCCATCTGC AAAGTCTTGT	540
30	AAAACTTCTA TGTTTTCAaT CGTGGaTAAT AAAAATCGCA ATCCTTGtCG CACAATATAA	600
	kGGwCATCTA CTAATAThAC TTTGTTTCATG GGTATCTCC TTAAAtCAAG CTATTTTATA	660
	GGAATTGTGA ATTGTATTTG TGTACCCTTT GTTGGCTGAG AATGAAAGGT CACTTTACCT	720
35	CTTAATAATT TAACTCTTTG TTTTATGTTA TTAATACCGT GTGATGAAGC TATCTGAACA	780
	TTATCGATCT CAAATCCTTG ACCATAATCA ATCACGTCAA TATATAGTAT ATCGTTCATT	840
40	TGTTTTAATG TAAGATCCAT TTTATTGTA TCAGCATGTT TCTTAACATT ATTAATACAC	900
	TCTTGTAATG CTCTGTATAT GTTTTCTTCG ATTTTCATTAG ATAAATCGAT TAAACCTTCT	960
	ACATTTACAT TTAATTGTAT ATGCATTAAT TTAATATATG CTGTCAAAGC ATGAATTAAA	1020
45	CCTTGCTCAA GTCCAACGG CTTAAGTnGC CAAATCAATG CACGCATTTT ATTAACGGCA	1080
	TTTTGACTCG TTtCCTCAAT CGTCTTGAAT GCTTGTTTAG CGATGGATTG GTTTGACATG	1140
	CCATACGCAG CATGTGctGT TAGTTTTACA GAAAATAACA TTTGATTTAC TGAATCATGT	1200
50	AAATCTCTAG CTAAACGATT ACGTTCATTA ATTTTGGCCG CTCTTTTTTC ACGGTCTGTT	1260
	AAATAAATAC GTTTGATGGC TGACCCTAAT TGAAATGCGA CAGACTCTAG CAACTCTAAA	1320

	TGACCCGATT TAAGTGGTAC CGTTGCATGA TGTGTAATAT TGTCATTTTG GCTAGGAAAT	1440
	GCTTTAGAGG CTAAGTTAAT ACGAGAACAA TTGACGATAT TCGACGCTTT CATTAGCCTA	1500
5	CGTTGATTAA ATGCTTTTCAC ACACCAACAA GACCCATCTT TAATATAGTG ACAGTGGTCT	1560
	GCTGTCAAAG ATTGTGGTAG AGCCACATGT GATACAAGTT CATGTTCCACC TACGCTATTG	1620
10	ATGAAAAATA TCCAGCCTGT CGTGAAATTA CTGCCCTCAA TTAAATATTT TAACGCACCT	1680
	TGGGTCATGC TATACATTTT TGTTCCTTCG TTTAAAAATT CGGCAATCTC TTTTAATAAA	1740
	GCTAGTCGCG TCCTTTGTTC CATCAAATCG CTCCAATTCA TTTTACGTG TATTAECTAT	1800
15	TATACATTGA GTTATTATAT TTTTAAATCT TAGACGTAAA CATGATAAAA TGGCCTTGAT	1860
	TACTCAATAG TTATATTTTC GAGAACTGAT TTGTGATATG ATATTAAAGA CTATAGGAGG	1920
	ATTTTATGAA ATTTAAAATA CCAGAAACTT TTAATGACTT AAGTTTACGA GATATTTTCC	1980
20	AACAACCTAA GGTACCTAAA AAAGATTTAC ATCATTTTAA TATGTCTAAA GATATTACTA	2040
	TTAATGATAA ACCTGCGCGA TTAATGGATA AAGTGCATAC TGGCGACGAT GTATTTGTTC	2100
	CAACCATCGA TGAAAAAAGT AATTATGTTC CAAGTTATCG TTATGCACAA ATTAAATACG	2160
25	AAGACGATGA TATGGCAATC GTAATGAAAC CTAAAGGTGT TAAGACTCAC CCTAATGATT	2220
	TAAAAGAAAG CAATACTTTA ATGAATCATG TGATTTACAC TATTGATAGT GACTATGTCTG	2280
	AACCAATTCA TCGACTGGAC CAGGAAACAG TAGGATTATT AATTGTTGCT AAAAACTCTT	2340
30	TAATGAAAAA AATTCTTGAT CGCATGTTAG AAGACAATGA TATTACGCGG ATATACAAAG	2400
	CAAATGTTAA GGCACCTTTT CCTTTAAAC CACAAACGAT TGATATGCCA ATTGGTAAAG	2460
35	ATAAATTCCA TTCGAATAAA CGACGTGTGT CTCCTACTGG ACAGCGTGCA ATTACACACA	2520
	TTTTAACTTC AAAAATGATA AAAGAAGCTG TGTGCCmACT TGAAATCAAG TTGGATACTG	2580
	GACGTACTCA TCAAATwCGT GTGCATTTAG CTGAAATTGG TCACCCTGTT ATTGGTGATC	2640
40	CTTTATATGG TGATTCAACG TTAAGACAAT TAGAACTTGA AAGTTACAAA ATAGAGTTTG	2700
	TGcATCCCTT GACTAAGGAA GTCATTTCCG TTTCTTTGGA TGACTAATTT GATTAGTTTT	2760
	GCATGATATT tAAACATGCA ATACCGCATT GTAACATAAT CAAGTATCAA CtTAAAcGGA	2820
45	TAGATGGAAA ATTATTAATT TTTTCAGATG TTCGGTTTTT TTGTTTTTTA CGATGCTTAG	2880
	GATTTTATAT TTTGATATTT TAGTAATTAT TCATTTTATA ACATCCTTGG ATAATGACTT	2940
	GTAGTCTTTT TCAACTGCGT TACGTGTATC TATGGACAAT ACATGACATC ATAAGATTTT	3000
50	TATCACAGGT TGTTTGGCCA ATACATGTAC AACAATTCAT CATATAAAAA ATAGGTTCTA	3060
	TAATAAAACG GACTCCATGA AAAGTTTTTC CTTTTCATGG CTCTATATCA AATCAGACTT	3120

55

EP 0 786 519 A2

	CCAAACTTTA	TTTATATTA	ATATTTAATT	AATGAGGATC	TACCATATCT	TCTGGTTTAA	3240
5	TCCATGCTTC	AAATGTTTCT	TCTGTAACAT	ATCCAGTTTG	AATTGCAGAT	TCTTTTAAAG	3300
	TTAAACCTTC	TTTATGGGCT	TTCTTAGCAA	TTTGAGCTGC	TTTTTCATAA	CCAATATGTG	3360
	GATTTAATGC	AGTAACTAAC	ATTAATGATT	GATTTAAATA	ATTATCAATA	TTCTCTTCGA	3420
10	TTGGTTCAAT	GCCCACTGCA	CAATTGTTAT	TAAATGTTTC	CATACCATCA	GCTAAAAGAT	3480
	AAATTGATTG	TAGTGTATTA	TGCATAATAA	CTGGTTTATA	AACATTCAAT	TCAAAGTTAC	3540
	CTTGTGAACT	TGCGAACCAA	CAACTGTATC	ATTACCCATT	ACTTGGACTG	CnACCATTGT	3600
15	TAACATTTCA	CATTGTGTAG	GATTAACCTT	ACCAGGCATA	ATTGATGAAC	CTGGTTTCATT	3660
	TTCAGGGATA	GAAATTTCTG	CCAAACCAGC	TCGTGGCCCT	GAAGCCAACC	ATCTCACATC	3720
	ATTAGCAATT	TTCAATTAAGT	CTCCTGCTAA	TGCCCTTCAAT	GTTCCATGCA	ATTGAACAAC	3780
20	TTCATCATGC	GCTGTAAGTG	CGTGGAATTT	ATTTTCAGAA	GATACAAATG	GATAACCCGT	3840
	ATTTTCTGAA	ATATAATGTG	CCACTTTATC	ACCAAATTCA	GGATGCGCAT	TAATACCAGT	3900
	ACCAACAGCC	GTACCACCGA	TGGCAAGATT	TAAAATGTGC	TTCTTAGATT	CAGATAACAT	3960
25	TGTTTCACAA	CGGTCAAGCA	TATAACGCCA	GCCACTAATC	TCTTGTCTTA	GTTTGATCGG	4020
	CGTTGCATCT	TGTAAATGTG	TACGACCAAT	TTTAATAATT	GAATCAAATT	TATCTTCTkT	4080
	TTCTTTCAAA	GTATTTCTTA	AAAGTTTTTAA	TGCAGGTTCT	AATTTTGTTT	CAACCTCTTG	4140
30	ATATAATGCA	ACGTGCATAG	CAGTTGGGaa	TGTATCaTTC	GaACTTTGAG	ATTyATTTAC	4200
	ATCATCATTk	GGGTGGATAC	TTTCATCACT	TTGATGATCT	TTTAAATACA	TATTAGCAAC	4260
35	ATAACTTACT	ACTTCGTTCA	CATTCATATT	ACTTTGTGTA	CCGCTTCCTG	TTTGCCATAC	4320
	AACTAGTGGG	AAGTGTTTCAT	CTAATTCACC	TGATAAAATT	TGATCACATG	CGTATACAAT	4380
	GGCATCTTTC	TTTGCCCTCGC	TTAATTTTCC	TAAATCAAAA	TTAGCTATTG	CTGCTGCACG	4440
40	CTTTAGTTGT	GCAAAACCAT	AACTACTTTC	GATTGGCATA	CGCTCTTTAC	CAACTGGGAA	4500
	ATTAOGTTTA	CTTCTTTCTG	TTTGAGCACC	CCAATATTTA	TCTGCAGGTA	CTTCTATTTT	4560
	TCCAAAAGTA	TCATGTTCAA	TTCTTACTGA	CATTCAATTT	CTCCCCTTAT	CACTGTTTAT	4620
45	TTAACTGTAG	TATATCATTa	AATAATTTAA	TTGAGCAATT	TATGATTAAA	ACGTTTTTCAT	4680
	AATTTGAAAT	AAAAATACAC	TAATCGCACG	TGTTCAACCCT	TTATTACAGT	GATACGGTCA	4740
	TACGATTAGT	GTGTTATCTA	TCATTATTTA	GTTATTATTG	AACTAAGTTT	AATTACGATA	4800
50	CTTTGTTTTA	GTAGCTTCAA	CCGTAGCAAT	AGCTGTAAGT	ATATATAATA	CAGCACTAAC	4860
	AATTGTCGTA	TATGGATTTA	GAGCAACAAG	CGTaCCTAAA	ACTCCTGTTA	AACTCGCATA	4920
55							

## EP 0 786 519 A2

TACAATACCT GATTGATTAC TTTAATGAA TGTTCGCGCA TTAACATCAT CAATTAATCC 5040  
 TTTTGATAAA TTGAGTTGTA ATTTTATTAC TTTGAAAATA ACAGGTAAAT ATAATGCCCC 5100  
 5 AATTGCCAAT GGAAAAGCTT TAATTGATAT TAAACTTATA ATAACTGTTG CTATCAATAA 5160  
 TTGAATCCAG TATTTTCCTA ACATAAATAT ATAAATCTCC TCTAATTTCA TTCTTCAATA 5220  
 10 GCATATCATA ATCTTGGCAT ATTAAGAAAC GCGGTTTAAAT GATTTCATTA AAAATATTAC 5280  
 TGATAGATGA CTTCTTTCAA TTATGTCTGG AGTAATTAAT TATCAATTCC GTTTAAATGG 5340  
 TGTTTTAAATA TTTAAAATTG AACTTTTGAT ATATTACTAT GTCTGGTACA CAAATCAATG 5400  
 15 TTTTATGCTT TACAAAGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGC AGTCCACAAC ATAGAGGCTT 5460  
 CGGAATGTCA GCTTCTATTT CATGCAAGTT GGTGGAGCTC CAACATAGTG GAATTGGATT 5520  
 CCCAATTTCT ACAGACATTG CAAATTGGGG AAACGGGCCA CAACTCAGA AACTGGTGGA 5580  
 20 AAGTCAGCTT AAAATAACAT GCAAGTTGGC GAGGCCCCAA AATAGTGAGA TCGGATTTCT 5640  
 AATTTCTACA GACATTGCAA ATTAGGGAAA CGGGCCACAA ACTCAGAAGT TGGTGGAAG 5700  
 TCAGCTTAAA ATAACATGCA AGTTGGCGGG GCCACAACAT AGAAAAATTG GATCCTCAAT 5760  
 25 TTCTACAAAC AATGTAAGTT GGGGAAACAG CCCCAACACT GAACTAGCA GAAAGTCAGC 5820  
 TTCTATGAAT ATAATAAAAA AGCTAGGTAA CAAAATGCTA CCTAATTCA TATTCAAGAT 5880  
 AATCAATCCT ATTTGATATA TGTTCTATAC TATACATTAT TTACATGATA AATAACTGAA 5940  
 30 TATTACACAA TTATAATACT TTACTGACTG TCTTCTTCAG AATTCTTTTC TTGATCATTT 6000  
 TGATCAGAGA TTTGTTCCaT TTCTTTACCT AATTCTTTTA AATCTTCAA ATCCGTTACC 6060  
 ATACTGTTTT CTTCTTCATG ATAATTTAAT TTTGGATCTT TGTCTTTAGA CATAATCAAT 6120  
 35 ACCTCACAGA TTTTAAATTA AGCAAAGCGT GACGTAAAGT AAGCTTTAAC ATCTTCAGGT 6180  
 AAACCTGCAG CCGCTTCTTT ATCAAGAATA ACATTTACCA TTCTATGTGC TTTTAAATCG 6240  
 40 GCTGGTTCGA AGCTTGTTTT ACCATTTTCT TGATATAATT TTTCAACTAC ATCTCGTTTA 6300  
 TTAGCACCTG TCACTACTAA GAAAATTTCT CTTGCTTCCA TTAGTCCTTG ACGAATACTA 6360  
 ACATTTAACT TACCTTGCTC ATCGATAGAA ACAACTTGTA ATGTTAATTT CCCTTTATTT 6420  
 45 TCTTTAGTTT TAATCTTATC AGCGATTAAAT TCGATTGCAT CTTTTTCATA AGCAATTGGA 6480  
 TAAACTTGAC CTGCTGGTAC ACCTAACGCT TCGAAATATG ATTTTTTATC GTCATAATCT 6540  
 AAAATATTTA TTTGGCTAAA ATCAACAGCA TGTTTTTCAA CATTTTTCTT TAATTCATCT 6600  
 50 AGAACTGGCG CTTGATCTGT ATCTAAATGA AAACCTGCAA TTGTAGTAGG ATTATTGTTA 6660  
 AATTGCTTTC TAATAATATC AGCAGCATAT TCTGCTACAA GTTGACTATT GTCAAAGACT 6720  
 55

GATATTAATA ATTATTATAC CCTAACTTTC AATATATCAA ACCATTTAAC TTTAACATGC 6840  
 TTATACTCTA AATATAGCAC TTAAGCATCA TTTTATAAT GAAAATGAGT AAATTTTAAT 6900  
 5 TCAATCCCGG TAAATCTTGT TGACGTAACG CTTCAATAAT TAACAACGCA GCAGTATTTG 6960  
 ATAAATTTAA TGAACGAATA TGTTCACTCA TAGGAATTCT TAACGCTGTG TCTTGATATT 7020  
 TCTCTTTCAC CCAGTCTGGT AATCCTGTG TTTCTTTTCC AAAAATGAAG TAAAAATCTT 7080  
 10 TGTCAATGATT TGAAAAATCA AAATCACTAT AAGTCTTTTT ACCAAATTTT GTTAATAAGT 7140  
 AATACTCGCC ATTTGTGACT TCAAAAAATG CTTCAATACT ATCATGATAC GTAATATTCA 7200  
 CAAATTCCCA ATAATCTAAA CCGGCTCTTT TTAACATTTT ATCATCAGTT CTAAATCCAA 7260  
 15 GAGGTTTAAAT TAAATGTAAA TGTGTGTTTG TACCTGCACA CGTACGCAA TGTTACCAGT 7320  
 ATTAGCTGGG ATTTCTGGTT GATATAAAAC GATATGATTT GTCATATTAC TATTCTCTCC 7380  
 20 TTGTGTCTAA TCCTTTTATC ATTTCACTCT GAACCTCTGC ATCCTCTTGA TCATAATTAG 7440  
 CATTGATAAA ATCTCTTGCT TCTTCCCCAA GAATTTGACC AATGGCCCCA TAAGCAGTTG 7500  
 CTCGAATCAA CGGTCTTTCA TCTGTTGTTG CAACCTTTTT CAATTCTGGA ATTGCATCCA 7560  
 25 CTTCAATAAA ATGCGCCAAT GCTAAAATAG CATTTCTGTT TATCGGCTTT TTACCACGCC 7620  
 AAGCACCTGC AAGGTGACCA TATGTTTGT TGAATCTTT ATTAGACATA CGTAGTAAAG 7680  
 GTACTAATCT TGGCTTTAAA ATTTCTGGTT CCAAATGAT GTCATCTTGT TCGGTATTAA 7740  
 30 TACCTCTATT TTTCGGACAA ACTTGTGAC ACGTATCGCA ACCATATAAT CTATTCCCAA 7800  
 TTTTATAACG ATATTGGTCA GGCATATAGC CTTTGTGTTG CGTTAAAAAA CTAATGCATT 7860  
 TCTGACTATT TAATTGGCCA TTCCAATA ATGCACTTGT TGGACAACGA TCAACACAAA 7920  
 35 TTGTACAATG CACCACAGCT ATCTAATAAT GGATCATCAG GTTCC 7965

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 322:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1302 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 322:

GCCCTGTTGG AGAAATCACC TTTATACGAT GGTGAAAAA GCATCATTAG GTACAATCGT 60  
 50 GGCAATTATA GTTATTTTGC TGTTTTTAAG AAACATTCGT ACGACGGCAA TTTCTATTAT 120  
 ATCGATTCCG TTATCACTTC TTATGGCGCT TATTGCTCTG AAATTGAGTG ATGTTTCATT 180

55

EP 0 786 519 A2

TGTAGTTGTT GAAAATATTT ATCGACGCTT AACAGATTCA GAAGAACAAC TAAAAGGTGA 300  
 AAATTTAATT ATCAGTGC GA CAACTGAAGT ATTTAAACCA ATAATGTCAT CGACACTAGT 360  
 5 TACTATTATC GTCTTCTTAC CACTTGTGTT TGTATCAGGT TCAGTAGGCG AAATGTTTGA 420  
 ACCTTTTGCA TTGGCTATTG CATTTAGTTT ATTAGCATCG TTATTAGTGT CAATTACACT 480  
 CGTTCACGCG TTGGCAGCTA CACTATTTAA AAAAGGCGTT AAACGTCGTA ATAAACAACA 540  
 10 TCAAGAAGGA TTAGGTGTTG TTAGTACAAC TTATAAAAAA GTATTACATT GGTCATTAAA 600  
 TCATAAGTGG ATTGTAATTA TATTAAGTAC ATTAATTTTG GTTGCAACTA TTGTATTTGG 660  
 AGGACCGAGA CTAGGCACTA GCTTTATTTT AGCAGGTGAC GATAAATTTT TAGCTATTAC 720  
 15 TTATACACCG AAGCCTGGTG AAACGGAGCA AGCAGTGTG AATCATGCGA AAGATGTTGA 780  
 AAAATATTTA AAACAGAAAA AGCATGTAAA AACAATTCAA TACTCAGTTG GCGGTAGTAG 840  
 TCCAGTAGAT CCAACGGGTA GTACAAATAG TATGGCAATC ATGGTTGAAT ATGATAATGA 900  
 20 CACGCCTAAT TTTGATGTAG AAGCGGATAA GGTATTAAA CATGCAGATG GCTTTAAACA 960  
 TCCTGGAGAG TGGAAAAATC AAGATTTAGG AACAGGTGCA GGTAATAAAT CTGTAGAGGT 1020  
 25 TACTGTAAAA GGTCCATCAA TGGATGCCAT AAAATCAACT GTAAAAGATA TTGAACAGAA 1080  
 AATGAAACAG GTTAAAGGAC TAGCCAATGT CAAATCTGAT TTATCGCAA CATATGATCA 1140  
 GTATGAAATT AAAGTCGATC AAAATAAAGC GGCAGAAAAT GGTATTTCTG CAAGTCAACT 1200  
 30 TGCAATGCAC TTGAATGAAA ACTTACCAGA AAAAACAGTT ACGACTGTTA AAGAAAATGG 1260  
 TAAAACGTGTT GATGTTAAAG TCAAACAAAA TAAGCAAACA GC 1302

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 323:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1003 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 323:

45 ATATATATTA ATTTAAACGT GTTTCACATG TACCAGTGTT AATGACAGAT AATGCTGCGT 60  
 TTAAACCACC TTCAACAAGG TTTTGTACTG CTTCATCAGA GAAGAAAGCA ATATGTGGTG 120  
 TTACTAAAAT TCTTTCATGT TCGATTAACT CTAATAATGT TTTATCGTCA ATGTCTTTAT 180  
 50 TAGTCCAGTC ATTTGTGAAG TATGCTGCTT CATTTTCATA AGTATCAATC GCAGCACCTA 240  
 ACAAAGTACC ATCGTTCCT GCAGCGATTA AATCAGGTGT ATTGATGACT GCACCACGTG 300

55

GATAGCTTTC TTTGTTTCGCT GGAACATGTA AAGAAATAAT ATCGGCATCT TTAATAGCTT 420  
 CTTTAACACT ATCTTTTATAA GTTAAAAAGT CTAAATCTTT ATTAGGATAG GCGTCATAAG 480  
 5 CTGTAATTGT AGCACCAAAT CCTGCATATA TtTTAGCTGT AGCAGCACCG ATACGACCCG 540  
 TACCAATAAT TGCAACAGTC ATATTTTTTAA CTGGTTTAGA CATGATTTCT GCTTGCCAAG 600  
 10 TAAAATCATG TGCTTGTACA CGGCGTTCAA TATCTGGGAA GCGACGCACT AATTGTAGGG 660  
 CGATAGArAC AGAATACTCT GCAATtGTTT CAGGTGAATA ACTAGGAACG TTAGATATCA 720  
 CAATATTGTG TTTTTTAGCT AAATCTAAAT CATACATATC AAATCCAGCA GTACGTTGTG 780  
 15 CAATTTGTTT AATACCGTAA GATTCTAATT TAGGATAAAC GTCATTTTCT AACTTACCAA 840  
 ATTGCATTGT AGTTACGCCA TCGTAATCTT TTAATTGAtC GACTGTAGCA CTTGATAATA 900  
 GCTCTTTAGA AGTAGTTACT TCGACATTAT TCTtTtTCCC CCAATTTAAT GCCATCTCTT 960  
 20 TCTCATAATC ACGCGTaCCA AAGAACATAA TTCTCGTCAT TAT 1003

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 324:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5030 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 324:

GGCTTTTATA GTGTTTACGA TTATTATGAT TACTTATATT CACGCTGTTA AAAATTATCC 60  
 35 AAATAACCGT ACTGTTTATT ATGTTTATAC AGCTGCATTT ATACTTGTTA TATTACAAGT 120  
 TATCACAGGT GCATTATCTA TTATGACAAA TGTTAACCTG ATAATCGCAC TTTTCCATGC 180  
 ATTATTTATC ACTTATTTAT TTGGTATGAC AACATACTTT ATCATGCTAA TGTTACGATC 240  
 40 AGTAAGAAGT GACArGCAAT AACaAAAAAG cmAACCGTAA TTTTAATGGC ACGCCCATTA 300  
 AAATTACGGT nTTTTATATC AATATTTAAA AtTAAACCTA AGCCATGTAA AAACGAGATT 360  
 ACACGTCAAT TGTTGTGTAA TCTCGTTTTA TnTTAATCAT TTTAGTCAGT TGCTTTTTCA 420  
 45 ATTTGATTA ATAAATCGCC TGTCGCTATT GTGTCACCAT TATTTACAGT TACTTGTTTA 480  
 ATCACACCGT CAAATGGTGC TTGAATTGTT GTTTCCATTT TCATAGCTTC AGTAATTAGC 540  
 50 AACGGCTGAT TAGCTTTCAC AGTTTCACCT AACTAACCT TGACTTCAGT TACTGAACCT 600  
 GGCATTTGAG CACCGATATG ACTTGGATTA CTCTTATCTG CTTTTGGCTT AACGTTTCGA 660  
 TTTGTATGCA CATTTTCATC TTTAATGTAA ATACGTCTCG CTTGACCATT CATCGCATAG 720  
 55



	CGTTTACCTT	TATCGATTTC	GATTTCTACT	GTTTCACCAT	TACGCATTCC	AAAGAAGAAT	840
	GTAGGCGTAT	CAAGTAACGA	TAAGTTTCCG	TATTGATTTC	TAGTTTGAAT	ATATTGTTCA	900
5	TATACTTTTG	GATATAGTAC	ATAACTAATA	ATATCTTGCT	CCGTAACAGG	ACCTTGTTGC	960
	TCTTCTTCAA	GCAACTCAGG	GACTTTTTCA	AAATCAACTG	GCTCTAGATA	TTCACCTGGA	1020
	CGAGCTGTTA	GTGCTTCTTG	GCCTTTTAAA	ATAACCGCTT	GTAAATCTTT	ATTAAAACCA	1080
10	TTTACAGGTT	GTCCTATTTT	ACCTTTGAAG	AACGACACTA	CTGATTCTGG	GAAATCTAAT	1140
	TTATAGCCAT	CTGTAATCAC	GGATTGTTCA	TCAAGATCAT	TTTGTACCAT	ATAAAGTGCC	1200
15	ATATCACCAA	CTACTTTAGA	CGATGGTGT	ACTTTTACGA	TATCACCAA	TAAGAAATTC	1260
	ACTCTGCGAT	ACATATCTTT	GACTTCATCA	AATCTTTCGC	CTAAACCTAA	ACTTTTAGCT	1320
	TGTTGACTTA	AATTTCGAATA	CTGTCCACCA	GGCATTTTCAT	GTTGATAAAT	TTCAGTATTC	1380
20	GGTGATTTGA	TATCACTTTT	AAAGTCTGAA	TAATAAGTAC	GTACAGTTGA	CCAATAATGA	1440
	CTAAGTGA	CCATACCTTC	AATATCAGTT	CTAAGGTGGC	GTGGGAAGCC	ATTTAATGCA	1500
	TAATATAACG	AATTGGCGCT	TGGCTGACTT	GTTAAACCAC	TCATTGAAGC	AACAGCAGTA	1560
25	TCAATGATAT	CGACACCAGC	ATCTATTGCT	TGTTTGTATG	TTAATAAACC	ATTACCACTT	1620
	GTATCATGAG	TGTGAAGATG	AATTGGTAAA	TCTACAGCTG	ATTTTAACTC	ACCAATCAAT	1680
30	TCGTAAGCGG	CTTTAGGTTT	TAATAAGCCT	GCCATATCTT	TAATCGCTAA	AATATGGAAA	1740
	CCTTCACGTT	CTAACTCTTT	AGCTAGTTTG	ACATAATACT	CTAAAGTATA	AATGTTTGAT	1800
	CGCTCAGGAT	TTAAAATGTC	ACCTGTATAA	CAAATAGTAC	CTTCTGAGAT	TTTGCCCCT	1860
35	TCTTGTACTG	CTTCATTGGC	AACTTTCATT	TGATCTACCC	AGTTTAATGA	ATCGAAAATT	1920
	CTAAAGACAT	CTATGCCTGC	TTTAGCACTT	TCTTGTACGA	ATTTATGAAT	AACATTATCA	1980
	GGATAGTTTT	TATAACCAAC	TGCGTTTGAA	GCACGTAACA	ACATTTGGAA	TAATACATTT	2040
40	GGAATAGCTT	TACGTAGACG	TTCAAGTCGT	TCCCATGGGT	TTTCCTTCAA	GAAATTATAT	2100
	GCCACATCAA	ATGTAGCACC	GCCCCACATT	TCTAGTGAGA	AACCATCTTT	AAATACGTCC	2160
45	GCTGTTTTTG	ATGCGATATT	AATCATATCC	TTAGTTCTAA	CTCGGTAGC	TAATAATGAT	2220
	TGGTGTGCAT	CTCTAAAGGT	TGTATCTGTT	AGTAAGACAT	CATCCTGCTT	TTTAACCCAT	2280
	TCAGCTACAC	CTTTTGACC	TACTTCATCA	AGCAATTGTT	TCGTACCACT	AAATGAAGCG	2340
50	ATTTTACTTG	AAGATACAGT	TGGAATTGAT	GCTAATTCAT	AGTCTGGTTT	CGGACGTTTC	2400
	TCAACATTTG	GGAAACCATT	AATTGTTACA	TTACCTATAT	ATTCTAATGT	TTTAGTACCT	2460
55	CTATCTAGAG	ACGGCTGAAT	GTCGAAAAGT	TCTGGTGTTT	CTTCAATAAA	TTTAGTTGTG	2520

## EP 0 786 519 A2

	TTAACACCAC	GAATACGCAT	TTCTCGTAAT	GAGCGTACCA	TTTTTCTTC	TGCTTGTTTA	2640
	AATGATATCG	CGTGTGTAGA	TAATTTTACG	AGTAATGAAT	CATAATAAGG	TGATATCTCA	2700
5	GCACCTTGGA	AACCATCTCC	AGCATCAAGA	CGTACACCAA	AGCCCCCGCT	TGAACGATAA	2760
	GCAATGATTG	TTCCAGTATC	CGGCATGAAA	TCATTTAACG	GATCTTCTGT	TGTAATACGA	2820
	CATTGGATGG	CATAGCCTAA	TGTTGTAATA	TCTTTTGTG	GCGGCATATT	AATCTCTTCA	2880
10	CCAAATAAAT	CGGCACCTGC	TGCAACTAAA	ATTGTGTCT	TAACAATATC	AATTCCTGTT	2940
	ACCATCTCTG	TAATTGTATG	CTCTACTTGT	ACACGAGGGT	TAACCTCTAT	AAAGAAGAAT	3000
15	TCGTCACCAG	ATACTAGAAA	TTCAACAGTA	CCTGCATTGA	CATATTTAAT	ATTTTCCATC	3060
	AATTGAATTG	CAGCATCACA	AATACGTTGA	CGTAATGTTG	ATGATAATCC	AACTGATGGT	3120
	GCAACTTCTA	CAACTTTTTG	ATGACGACGT	TGTACTGAAC	AATCACGTTT	AAATAAGTGT	3180
20	ACGATATTTT	CATGTTGTC	ACCTATGACT	TGTACTTCAA	TATGCTTTGG	ATTATCAATG	3240
	TATCTTTCTA	TGTAAACTTC	ACTATTACCA	AATGATTTTT	CAGCTTCTGA	TTTTGCTCTA	3300
	TGGAAAGCAT	CTTCTAATTC	ACTTTCTTCA	CGAACGATTC	TCATACCTTT	ACCGCCGCCA	3360
25	CCACTTGTGG	CTTTAATCAT	TAGCGGGAAA	CCAGCTTCTT	CTGCAAATTC	TTTTGCTAAT	3420
	TCATATGATT	TAATTGGACC	GTCTGTACCA	GGAATAACTG	GTAAATCTGC	CTTGATAGCC	3480
30	GTTGTACGAG	CTTTAACTTT	ATCTCCAAAC	ATATCTAAAT	GTTCTAAATG	AGGACCAATA	3540
	AATTTAATTC	CTTCTTCTGC	ACAACGACGC	GCAAAATTGTT	CATTTTCACT	TAAAAATCCA	3600
	TAGCCAGGAT	GAATCGCATC	CACATTGCGT	TGTTTTGCTA	CATCAATGAT	ACGCTCAATA	3660
35	TTTAAATAAC	TTTCAGCAGG	ACCTAAATCA	CTTCCAATA	AATAGGATTC	ATCTGCTTTA	3720
	TATCTATGTA	ATGAACTTTT	GTCTTCATTC	GAATAAATTG	CAACTGTGCT	GATGTCTAAT	3780
	TCTGCCGCCG	CTCTGAATAT	ACGAATTGCA	ATTCTCCAC	GGTTAGCAAC	AAGTAACTTT	3840
40	TTTATTTGTT	TCAATAGCGA	TACACTCCTC	AACTATTAG	AATTTTCTAA	CTAATTAGAT	3900
	AATAAAATTT	TATCTTAAAG	CGCTCTGTTT	TGCTATAGTt	mTGTTTCmAA	TTTTCAAAaT	3960
45	TTaACATyCT	tGAGACAATT	AAAaCCyCCG	CTTcmGaaAT	AATAATTTCA	AAAATGACTA	4020
	TGCAACAACA	GGTAGTTCCA	CGTTTTTGTG	GTGAAACATT	TTCGATTTCT	ACAACTCTAA	4080
	AAAATTAAAA	ATAAAATTGC	AAAACATCAA	CATTTATTAT	CAATAGCGAT	AACTTTATCT	4140
50	TATCATCATG	ATTCTAATTT	CGCCACCACA	TTTAGTAATT	TTTAGTCATA	AAATTTAGTT	4200
	ATAATTATAC	GTTGTTTTGT	TTATAAAATT	TGATAATCak	GAGTAATCtC	GTAAATATCAA	4260
55	AACaAAAAGG	AAGTTAAGCG	TTGTTTGGTT	GcCTAACTTC	CGTTATTGAA	CTCATCcAGT	4320

TCTCGTACTA AATATTGGCT AGTATTTTTT TAATTAAATT GTCTTCTTAT ATCAACTTTT 4440  
 TGTGTGTGTT TCTTTCGTTG CTGGTCTACT TTGATTGTGTT TACCTACAAT CAGAAGTAAA 4500  
 5 CCCATAGCAA TACTTAAACT AATCATTGAT GATCCACCAA AGCTGATAAA TGGCAATGGC 4560  
 ACACCAGTTA ATGGAATTGT TGCCGAAATA CCGCCAATGT TTACAAACGT TTGACTTCCA 4620  
 AAGTATGTGG CAATCCCAAC ACACACAAGT TTATAAAAAT ATGATGATGT TTTATTTGCA 4680  
 10 AACTGGAAGG CACGATATAC AATAAAGAAC TCTAAAGTAA TAACTAGCAA TCCTCCGATT 4740  
 AAACCTAATT CTTGCAAAAT AATTGCAAAA ATAAAATCTG TATGTGGTTC TGGTAAATAG 4800  
 CCCAATTTCA TTGCACTATT TCCTAATCCT TTTCCAAATA CGCCACCGTT ACCTATCGCA 4860  
 15 AGCAATGAAT TGGAAATATG GTATCCAGTT CCTGATTGCA ATTGGAATGG ATCTGTTAGC 4920  
 GTACTAAATC TGGCAGTTAA ATAACCTGGT AACCAACCAG CCATTAATGC AATGACAAAT 4980  
 20 ACTACTAAGA ATCCTAGCAC TGCTGGTATA CCAAATCTTA GGACTTTGTT 5030

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 325:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1389 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 325:

CTTGTTAATC CGAAAATTAT TAGTCAATCA AATGAAACAA TAACAGACTT nGAAGGTTCA 60  
 35 ATTACATTGC CAGATGTTTA CGGCGAAGTG ACAAGAAGTA AAATGATAGT TGTCGAAAGT 120  
 TATGACGTCA ATGGGAACAA AGTTGaACTA ACTGCACATG aAGATGTAGC AAGAATGATT 180  
 TTGCATATTA TAGATCAAAT GAACGGTaTC CCTTTTACAG AACGTGCGGA CCGTATTTTA 240  
 40 ACAGATAAAG AAGTGGAGGC ATATTTTATA AATGACTAAA ATAATATTTA TGGGTACACC 300  
 AGACTTTTCA ACAACTGTTT TAGAAATGCT TATTGCAGAA CATGATGTCA TTGCAGTCGT 360  
 AACGCAACCA GATCGACCTG TTGGACGTAA ACGTGTTATG ACACCACCAC CAGTTAAAAA 420  
 45 AGTTGCAATG AAATATGATT TACCTGTATA TCAACCTGAA AAATTAAGTG GATCAGAAGA 480  
 ATTAGAACAA TTGCTTCAAT TAGATGTAGA TTTAATTGTA ACTGCTGCTT TTGGACAATT 540  
 50 ATTACCTGAA TCATTGTTGG CATTACCAAA TCTTGGGGCA ATTAATGTAC ATGCATCATT 600  
 GTTACCGAAG TATAGAGGTG GTGCACCAAT TCATCAGGCA ATTATCGATG GTGAACAAGA 660  
 AACCGGCATA ACAATTATGT ATATGGTTAA AAAATTAGAT GCGGGTAATA TTATTTGCA 720

	ATTAGGGGCA GATTTATTAA AAGAACTTT ACCATCTATT ATAGAGGGCA CAAATGAAAG	840
	CGTACCTCAA GATGATACGC AAGCAACATT TGCTTCCAAT ATTCGACGCG AAGATGAGCG	900
5	AATTAGCTGG AATAAACCAG GAAGACAAGT GTTTAATCAA ATTCGTGGAT TATCACCATG	960
	GCCAGTTGCT TATACAACTA TGGATGACAC TAACTTGAAA ATATACGATG CTGAACTCGT	1020
	TGAGACTAAT AAGATAAACG AGCCTGGAAC CATTATAGAA ACGACTAAAA AAGCCATTAT	1080
10	TGTTGCTACA AATGATAATG AAGCTGTTGC AATTAAAGAT ATGCAATTAG CTGGGAAAAA	1140
	GAGAATGTTA GCTGCCAATT ATTTAAGTGG TGCGCAAAAC AACTAGTAG GGAAGAACT	1200
15	TATATGATAG AAAACGTGAG AAGTCTTGCT TTTGACACGA TTCAAGATAT ATTAAATGAA	1260
	GGTGCGTATA GTAACTTGCG TATCAATGAA GTGTTGTCAG AAAATGAATT AAATGCAATG	1320
	GATAAGGCTT TATTTACAGA AATTGTCTAC GGAACCGTTA AAAGAAAATA TACGTTAGAT	1380
20	TTTTATTTA	1389

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 326:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2746 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 326:

	TTTGCTAATA ACAATAAAGC CAAAGCCGAT TCACACTCTA AACAGCTAGA AATTAATGTT	60
35	AAGAGTGACA AAGTACCTCA AAAAGTAAAA GATCTAGCAC AACACAATT TGCTGGTTAT	120
	GCTAAAGCAT TAGATAAACA AAGTAATGCA AAAACTGGTA AATATGAACT TGGCGAaCTT	180
	TTaAAATTTA TAAATTTAAT GGTGAAGAAG ATAATAGTTA CTATTATCCA GTTATAAAAG	240
40	ACGGTAAAAT TGTTTATACT TTAACACTTA GTCCTAAAAA TAAAGATGAT TTAAACAAAT	300
	CAAAAGAAGA CATGAATTAC AGTGTTAAAA TTTCAAACCTT CATCGCTAAA GATTTAGACC	360
45	AAATTAAAGA TAAAnATTCA AATATCACTG TTCTTACTGA TGrAAAAGGG kTTTATTTTG	420
	aAGAAGATGG cmAAGTTAGA TTAGTAAAAG CTACGCTCT ACCTGGTAAT GTAAAAGAnA	480
	AAGAAAGTGC TAAAACAGTT TCAGCAAAAT TGAaACAAGA GTTaAAAAAT ACAGTAACAC	540
50	CTACTAAAGT TGAAGAAAAAC GAaGCGATrC AAGAAGATCA AGTTCAATAT GAAAATACAT	600
	TAAAAAACTT CAAAATTwGA GaACAACAAT TCGATAACTC ATGGTGTGCA GGATTcAGTA	660
55	TGGCAGCATT ATTAAATGCa ACTAAAAATa CAGACACTTA TAATGCACAT GATATTATGC	720

## EP 0 786 519 A2

	AAATGATTGA ATACGGTAAA TCACAAGGCA GAGATATTCA TTATCAAGAA GCGGTACCAT	840
	CATATGAACA AGTTGATCAA CTTACAAAAG ATAATGTAGG AATTATGATC CTTGCACmAA	900
5	GTGTATCTCA AAACCCTAAT GACCCACATT TAGGACATGC GCTAGCAGTT GTTGGTAATG	960
	CTAAAATTAA TGACCAAGAA AAACCTATTT ACTGGAATCC TTGGGATACA GAaTTATCAA	1020
	TCCAAGATGC AGATTCAAGC CTATTACATT TATCATTCAA TCGTGATTAT AACTGGTATG	1080
10	GTTCAATGAT AGGTTACKAA AAAGTAATAT AGATATTGAT TAAAGGCAGG TAAAACTATG	1140
	TATCAACTAC AATTTATAAA TTTAGTTTAC GACACAACCA AACTCACACA TCTAGAACAA	1200
15	ACCAATATCA ATTTATTTCAT TGGTAATTGG AGTAATCATC AATTACAAAA ATCAATTTGT	1260
	ATACGTCATG GCGATGATAC AAGTCACAAT CAATATCATA TTCTTTTAT AGATACGGCA	1320
	CATCAACGCA TTAAATTTTC ATCTATTGAT AATGAAGAAA TCATTATAT TCTTGATTAT	1380
20	GATGATACAC AGCATATCCT CATGCAAACG TCATCCAAAC AAGGTATTGG CACTTCGCGA	1440
	CCAATCGTTT ATGAGCGCTT AGTATAACTA ATTTAAATGA TTTCACCTCA TAAAGCGGGT	1500
	TGGCGAGAAT TCAATTTCTC ACCAGCTCGT TTTTTCATTG TAATAATAAT CTTTAACATT	1560
25	TATTCTTTCT CTATTAATTT TTCTCAAAC ATCTTATCTT TATGATAATT AATTAAAATG	1620
	CCCTTTTAAA TTCTTATAAA ATAAAAAGC CACCTATCGT CGCTAATAAA CGACGCAAGT	1680
30	GACTTAATAT CATATTCAAA ATAACCTATG GGAATTTAGG GAATTGATCG AAGTCAGGAT	1740
	CACGTTTTTC TTAAACGCA TCACGGCCTT CTTTCGCTTC ATCAGTTGTG TAATAAGCA	1800
	ATGTTGCATC CCCAGCCATT TGTGTAAAC CAGCTAAACC ATCTGTGTCA GCATTCATAG	1860
35	CTGCTTTAAG GAATCGTAAC GCTGTTGGTG AGTGTTTCAT AATCTCTTA CACCATTGCA	1920
	CAGTTTCATC TTCAACTTTC TCTAAAGGTA CCACTGTATT TACTAGACCC ATATCTAAAG	1980
	CTTCTTGTGC ATTGTATTGA CGACATAAGT ACCAAATTTT ACGTGCTTTC TTATGTCCAA	2040
40	CGATACGTGC TAAATATCCT GAACCATAAC CCGCATCAAA TGAACCTACT TTAGGACCAG	2100
	TTTGTCCAAA AATAGCATT TCAGCAGCAA TCGTTAAGTC ACAAACAACA TTTAGTACAT	2160
45	TACCGCCACC TACAGCATAA CCTTTTACCA TCGCGATAAC CGGTTTGGGA ATAATACGAA	2220
	TTAAACGCTG TAAATCTAAT ACATTTAAGC GAGGGATTTG GTCTTCACCT ACATAACCAC	2280
	CATGTCCACG TTTCTTCTGG TCACCACCAG AACAGAATGC TAAATCACCT TCACCAGTTA	2340
50	ATACGATAAC TGAAACGTTT TGATCATCAC GTGCACGTGA AAATGCGTCA ATCATTTCAG	2400
	CAACTGTTTT AGGTGTAAAC GCATTGCGTA CTTCAGGGCG ATTTATTGTT ACCTTAGCAA	2460
55	TCCCTTCGTA AAATTCATAT TTGATTTTCAT CATATTCTCT AAGTGTTTCC CATTGTCTGT	2520

TCCACATGAA TTGTATGACC TGTAGCAGAA ATTAATTAC ATTTACTATT AGGAATTAAA 2640  
 TTGCCATTT TTTTCGCAAT CTGTACAAAT TTTTCATCAT ATTCTCCAGC TAATATTAAT 2700  
 5 GTTGGTACTT TAATTTCTnT CAGCGCGGCC ATAAGTTTGG CATTTG 2746

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 327:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 900 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 327:

TAATGTTTAG TTTATTAACA GTAAGTTCGT ATATCAATGT TTAGTGCTCC CAAAATTGA 60  
 20 AGTTTGAATT TAAAAGCAT CTTGTAGAAT TTAGTTGTAT TTTTTTCAA GAAATTCATT 120  
 TTGATTATTT TTGATAATGA GCATTTTAAT AGTAATACAT GTTTATAGTG TGTAGTATAT 180  
 GTCTATACTA GTAGTAACTA TATAGAGAAA GTAGGAATAA ACTATGTCAC AAGATGTAAA 240  
 25 TGAATTAAGT AAGCAACCAA CGCCAGATAA AGCAGAAGAT AACGCATTTT TCCCATCACC 300  
 ATATTCCCTT AGTCAATATA CAGCACCTAA AACAGATTTT GATGGTGTG AACACAAAGG 360  
 TGCCTATAAA GATGGTAAAT GGAAAGTATT GATGATTGCT GCTGAAGAGC GATATGTATT 420  
 30 ATTGGAAAAT GGAAAAATGT TCTCTACGGG TAATCATCCT GTTGAAATGT TATTACCTTT 480  
 ACATCATTTA ATGGAAGCAG GTTTTGACGT TGATGTTGCG ACATTATCTG GTTATCCAGT 540  
 35 TAAATTAGAA TTATGGGCTA TGCCAACTGA AGACGAGGCA GTTATAAGTA CTTATAATAA 600  
 ATTGAAAGAA AAATTAAAAC AGCCAAAAAA ATTAGCAGAT GTGATTAAAA ATGAATTAGG 660  
 ACCTGATTCA GACTATTTAT CTGTCTTTAT CCCAGGCGGA CATGCTGCAG TTGTTGGTAT 720  
 40 TTCTGAAAGT GAGGACGTTT AACAAACATT AGATTGGGCA TTAGACAATG ACCGCTTTAT 780  
 AGTTACATTA TGTCAATGAC CAGCAGCACT ACTTTCAGCA GGGCTTAACA GAGAAAAATC 840  
 45 TCCATTAGAA GGATACTCTG TTTGTGTCTt CCCTGaCTCA TTAGATGAAG GTGCAAATAT 900

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 328:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3642 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## EP 0 786 519 A2

	ATCTGAnTnG	AGATAGTGAT	AATGTGTCAC	CcAATTTTaA	AcCtTTATTT	TTaAGcGtTT	60
	CaTCaGCTAA	CaCtTCaTTa	TcTtTAGtCG	cTTTATGcCC	tTcTATTAAA	CtCGGaACTa	120
5	AAAATGaTga	CtTTTCAACa	CCGAACaCTA	AAACaTTGtC	tTTTtGATGG	CCaTTAGACA	180
	CAATTTCCCC	TGTTTGCTTC	AAAGTAGCTT	GCTTCTTGTA	TTTATTTTCA	ATATCTTTCT	240
	TGTTAAAAAC	AGATTGTTGC	ACAGTTTGAT	TGGCATCTTT	ATTTAGAACA	ATGGCATCTG	300
10	CTTGCCACTT	ATCAATGCCT	TCTTTATTCA	TATTGATAAG	ACCATTCGCC	AATCCAGATA	360
	ATAAAAATAG	CAAGTAACTA	ATCATCGTTA	ACACACCAAT	AATTAGTCCA	AACTTCAATT	420
15	TGTTGCGCCG	TATTTcATTc	CAAGCTAAAA	ACATGCATTT	CTCTCCCTAC	TACTATGATT	480
	TAAACATTGT	TTATATTCTT	AGATGCACGT	ACGTCGTGTT	GCGCTCTGTA	ATGTTATACA	540
	TACACTTATC	CTTCATTATA	CCCGAACTTT	TTATATTAAA	AGCAAATTTA	TGGAAAATGC	600
20	AATTAATTGT	CTATTATTTT	TGTACGGTAC	ATTTAAAAAT	AAGGATCAAT	TTAAAAACGC	660
	CTACATATAC	CTTTAAGTAC	ATGTAGACGT	CCAATTCATA	TATTATTTAA	CTTCGCCCTGT	720
	TTTAGGATCG	AATTGCTTAA	TAGCATTTTT	ACGTAATTTA	TCTTTTGCTT	TtTCACTTGC	780
25	TTTATAGTTA	TTGTTGTAAA	TCGTAGCTTC	CCAACTACCA	TACATTGGGT	TAGGGAAAAT	840
	GATATATTTc	TTACCGAAAT	CGTCTTTATG	TTTTTCAATT	AATGCTTCAC	GAGATTcAGC	900
30	TGTAGCTTCT	TTTGGATCTG	TAAAGTCTAA	TAAATTATCT	CCAAATAGCA	TGACAAAGTTT	960
	ATGATCCTTT	TGAACCATTT	GTCTGCGTGA	TTCTTTACTC	TTATCATCTT	TACCTTTTAG	1020
	TAAATATGA	CTCTTCTTAG	CTTGAGGGAT	ACCTTGTTGT	TTTAAGTTCT	TTTGTGTTGC	1080
35	CTTTAAATCT	TTTTCTTTAT	CTCTATCAGA	AATATAGTAG	ATATCGACAC	CTTTTTTGTC	1140
	AGCATATTTc	AAGAATTCTT	TTGCGCCATA	GACAGGTTTA	GCTTTAGCAG	cTTGTACCCA	1200
	TTCATGCCAA	CCTTCTGGGA	AAGGTTTATT	ATGTATTGAT	GCATAGCCTT	GATATGGAGA	1260
40	ATTATCTAAA	ACTGTTTCAT	CTAAATCCAA	AGCAATAGCT	AACTTATGTT	TACCTTTATT	1320
	CTTTTAAATC	TCTTTATCTA	ACTGTGTCTT	TGCACTGTTA	TAACCTTGTA	AATATAATGC	1380
45	TTTTGCTTCA	GCTGAATTTT	GATACCAAGC	CACTGCCATA	ATATTTTGAT	TACCAAGATT	1440
	CGCCTTTTGT	GATGCTGGTA	TAGAAGCTTG	TTGCGTTTGT	TGAACTTCAG	CAGAACTTTT	1500
	GGCAAACGCT	GTAGAATTTG	TCGTTTGTGG	TGCTGAAACT	GTAACCGCTA	CCGATAATGA	1560
50	TGCTATTGCA	ATATACTTTG	AAATTTTATT	CATCTTATCA	CCTCATGATT	AATATTTAAA	1620
	ATACAGTTAA	AATTATAAAT	GCATTTATTT	AATATTGCTA	TACTATGAAA	AGATATTTAA	1680
55	TATTATTTCT	TGgAAAAGCT	AACAAATATG	TGAACATTTc	ATATAAGCAT	GATTTAATGG	1740

## EP 0 786 519 A2

	GTGACTAGGC	CTTCCTATCA	GACATATTCA	CTCATCCACG	TATCATTATG	TGTACAGTGT	1860		
	GCTATCTCTT	ATTTACCTAT	TGGAACAACC	ATAAACTCAT	CCATAGTTTA	CCTTTTATAA	1920		
5	ATAGCAGTCC	TCACTCATAC	AATTTCTCAT	AAAAATCACA	ACGCTCCAAC	GTATTTCCAA	1980		
	CTTACTTTCA	CCTATTTTAA	TTCATAAAAA	CGACACTTTA	ATTGTCATTA	TCCAATAATA	2040		
	GCAAGACGTT	ATTATTGCAA	TCTTTTTTAT	AAAATAATAG	AATCATAGTA	TTGTCATTTA	2100		
10	AAGATAAAGT	AAGAACGTTT	TTATTTTTTCA	GATTTTTTTAA	ATTATTATGA	ATATCTAGTT	2160		
	TTAGGAAGGA	AATTACATTG	AAAAACAAG	TTATTATTTT	GGGCCTCATG	TTATTTTCAC	2220		
15	TATTTTTTGG	AGCCGGAAAT	TTAATATTCC	CGCCCATGCT	TGGCCATACA	GCGGGTCAAA	2280		
	ATATGTGGAT	TGGTATGCTA	GGCTTTGCCC	TTACAGGCAT	ATnACTCCCC	TTTATTACTG	2340		
	TTATTGTTGT	TGCATTTTAT	GATGAAGGTG	TTGAAAGTGT	AGGCAATCGT	ATACATCCAT	2400		
20	GGTTCGGGTT	TATTTTTGCT	GTCGTGATTT	ACATGTCTAT	CGGAGCATT	TACGGTATTC	2460		
	CACGTGCTGC	AAATGTGCGG	TACGAAATTG	GTACAAGACA	CATTTTACCT	GTGCATAACC	2520		
	AATGGACTTT	AATTATATTC	GCAGCAATCT	TTTTTGCCAT	CGTTTACTGG	ATTAGTTTAA	2580		
25	ATCCATCGAA	AATCGTTGAT	AATTTAGGTA	AATTATTAAC	ACCGTTATTA	CTATTAATGG	2640		
	TCGCTCTATT	AAGTATTGCT	GTCATTTTCA	ACCCTGAATC	TGCACTAAGT	GCACCTAAGG	2700		
30	ATAAATATAT	AACACATCCT	TTCATTTTCAG	GAAGTTTGGA	AGGCTATTTT	ACAATGGATC	2760		
	TTGTTGCTGC	GTTAGCTTTT	TCCGTAGTCA	TTGTCAATGG	CTATAAGTTT	AAAGGCCTCA	2820		
	CAGATCGCAT	GAAAATTTTA	AAATATGTCT	GCTTTTCAGG	TCTTATTGCA	GCCATATTAC	2880		
35	TTGGAATGAT	TTACTTTTGA	CTTGCCATACG	TTGGGGCATC	AACAGCTCCA	GGAAACTTTA	2940		
	AAGATGGTAC	AGATATATTG	ACGTACAAC	CATTACGATT	ATTTGGTTTCG	TCGGTAACC	3000		
	TCGTATTTGG	AATGACGGTT	ATCCTTGTCAT	GCCTAACAAC	ATGTATAGGA	CTCGTcAATG	3060		
40	tTGCGCCACA	TTTACTAAGA	AACACGTACC	TAAGTTTTCT	TATAAAATAT	TCGCACTTAT	3120		
	TTTctCTATC	ATAGGGTTCT	TATTTACAAC	ACTTGGTTTA	GAAATGATTT	TAAAAATTGC	3180		
45	TGTCCCATTA	TTGACTTTAA	TATATCCCGT	GTCGATTGCA	CTTGTA	CTCA TATCATT	3240		
	TAACATGTTT	AGCACATTCA	GATTCA	GTTG	GGCCTATCGA	CTCGCAACTG	TTATTACATT	3300	
	GATTATTTCA	ATTTTACAAA	TACTAAATAG	TTTCAACTTA	TTACACGGTG	TTATTTTGAA	3360		
50	ATCGTTTATG	ATGTTACCTT	TAGCAGATAT	CGATTTAGCT	TGGCTTG	TAC	CATT	CATGCT	3420
	CTTTGCTATT	ATCGGTTTCA	TAATCGATGT	ATTTATACGC	CGTCCGAAAC	AAGCGACAAC	3480		
	TTAATAAATG	CTCACTGCCT	AGTAATGATT	GACCCATCGT	TACTAgGCTT	TTt tATATGA	3540		

55



TAAAAAATCC TAGCTGTTAT TCAAAAATAT TAGTTTTTAA AA

3642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 329:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2187 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 329:

15	TTATTGATAT TGAAAATTCA AAAACTGCAA CACATCTTAT CACTAAAAAC CAACACTATC	60
	ATCAAACTGA CACTCATTTT GAACAGTATA AGAAATTTAT TTTAGATTCA GGTATATCAT	120
	CAACACAATT TGTATATAAT AACCTGTCTG TAAGCGGATT TAAATATACT AATGATGGTA	180
20	AGAATCCAAT TCAATTATCT GACATAGTGT ATCACTTAAT CGCATTATTA CGATATGGCG	240
	GTGGCATTAG CTATCAATTA TTAGATGACC ATTCAAATTA TATTCCTTG TACAACAAAT	300
	ATGGTAGCCC CCTACCATTA ATGCATTTAT ATAAATGTT TAGACCTTTT GTTAATGAAG	360
25	ATATTGAAAT TACAAATAAT TATGTATTGA GTCGTAAAGA TAATAACTAC CATTTCTTAT	420
	TATTCAATAA AATTAATGAT CGATATATGT CAGACGTAAA ACAAGATTTC ATTTTCCATA	480
30	ATGAATTACC TCAAGACTCT TTGATGATTA TTAAACATT GAATCATGAA CATGGTTCAA	540
	TTCAACATTT GCTTCCAATA AGCGATCAAC TTGTTTATAT AGAAAAAGAA ATTTTAGATG	600
	AATTAGACAA AACGAATTAC CCTAAAACGG AGCTTGCAGT TCAAGAAGAA ACTGGTCGTA	660
35	CATTTGAACT CAAGTTAAAT CACGACGAGG TTAAATATAT TTGCTTTAAA CCAAGCTAAA	720
	TACTAACAGT CCTCTTGTGT TTAGTTTCTT ACGTTAAAGG CTATTTATAT CATAAGGAGA	780
	TGATTTGTAA TGAGTAACTC ACAAGCAATT CAAGCAATTG AAAACGTGTT AGTAACGTCA	840
40	AAAGTTGGTG TATTATCAAC TGCATATAAT AATAAnCCTA ATAGTAGATA TATGGTCTTT	900
	TATAATGATG GTCTTACTTT ATATACTAAA ACGAATATCC ATTCTGCTAA GGTCAAAGAA	960
45	ATTAAAGATA ATCCAGCAGC ATATGTTTTG TTAGGCTATA ACGACACAAC TAATCGTAGT	1020
	TTCGTTGAGA TGGAAGCGAC AATCGAAATC GTTACAGAAC AAGAAGTGAT TGATTGGCTA	1080
	TGGGAAACAC AAGACAAAAG CTTTTTCAGT TCAAAAGAAG ACCCAGAGTT ATGTGTTTTA	1140
50	AGAGTAGTTC CGCAATCCAT TAAGCTAATG AATGATAAAT CATTAGATAC ACCTATCAAA	1200
	ATCGATTTAT AACACAAAGT GTATATAGGA AATAACTTTT ATGAATTCTA GATATAACAA	1260
55	TGTTAAATAC TTAAAATAAC TCGCTATAAT TAAAGTGTTT AATATGTTTA CAATTCAATT	1320

TTTAAATTAA TTTTATGTAA TATAAATACT GCATTGCGAA ACTGTTGCAC TTTTAGGTAT 1440  
 AACAGAATTA ACTACATTTA AGGAGATTGA TGAACCATGA AAAAGAAAAA AGGTTTTGGT 1500  
 5 CTGCGTATTA GTTTAATCGC CATCATGTGA ATTGTATGTA TTGTATTAGT AATCATGATG 1560  
 ATGACTGGCG GAAAGAAAGA TACATACTAT GGAATTATGA AAGATAATAC TACTATTGAA 1620  
 AAAATGATTA GTGAAAAAGA TGAAAGTATT GAAAAAATG TTAAATTACC TTCAGATTCA 1680  
 10 GATGTTAAAG TTAAAAAAGG TGATTTTGTA ATTGTTTATA AATTAGCAGA TTCAGATAAA 1740  
 ATTGTTAAAG TTAAAAAAGT TGACCATGAC GATGTACCAC ATGGTTTAAT GATGAAAATT 1800  
 15 CATGACATGG GCAAAATGCA CATGAAACAC TAATTGTAAT TTAAATTACA AATTTTAGTT 1860  
 GCCATCAAGG TATATACGAG TAAAGCAGC GGTAAGTTGA TTTCCAATTT GGAATCATTT 1920  
 TACTGCTGCT TTTTATATTT GAAATACTTT CATATTGAAT AGCTCCACTT GCCGTTGCGC 1980  
 20 TgcgCTTTGC GCATGCATAA AAGCCCCTAA CAACCTGAGG TCACTGCGCT CCGGTTGCGC 2040  
 TGcgCTTTAG CGCATGCATA AAAGCCCCTA ACAACCTGAG GTCACTACGC TTCGGTTGCGC 2100  
 CTGCGCTTTA GCGCATGCAT AAAAGTCCCT AACAACCTGA GGTCACTACG CTTCCGTTGCG 2160  
 25 CCTGCGCTTT AnCATGGCCA TAAAGC 2187

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 330:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1788 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 330:

CCnCCTTTTT AAACCTGGnG AAATGtmCAG tTTTGATGGt ATTGGGtTCT TTAGTATTAT 60  
 40 GCTTAAGATA GAGTGAATA CGCTCCTGTT GTTCTTTATA GTATATTGCT TTTTGTTTTT 120  
 CTTTTTCGTC ATATTTCACT TTAAATAAA TGA CTGATGC AACTATACAT ATACATAAAA 180  
 45 TGACACCAAT AATTATAAAA ACATGTTTTT TGTTCAATTA AGTAACTCCT AAAATGTGGT 240  
 GGAAATGAA AAAATTTTAA TAATCTATAA TTATGAACAT TACAGATTAT AAACCATAAC 300  
 ACTAACATCG TCGCCTTCAT TAACTTGATT GTTAAATCA GCAATTACTG AGAATTGTAC 360  
 50 AAGGAATAAT TGCCTATTAT GCCCTCATGT AATTATTGCC TTAATAACAT TAACAAAATC 420  
 GATAGCTATT ACATTAAATG CCTATACCCC AGACCTCAA CACCTTTTTA TACAGGACGC 480  
 ACTGTAATTT CATyyACGTT AACGTGCTTT GGTTGTGTTA ATGCATATAA TACTGCTTCT 540

55

GTATCTACCA TTCCTGGAGA AATGCTTGTT ACTTTAACGC CTGTCTTTGC CAACTCTTTT 660  
 TCTAATCCTT GAGTAATAGT GTGAACTGCT GCTTTCGTCG CACTATAAAT CGTACTACTT 720  
 5 TTCGTTACTT CAAAGCCAGA AATAGATGcA ATGTTAATAA GATGGCCACT TGATTGTTCT 780  
 AACATAGTTG GTAATGCAGC CTGTGCCGTA TATAAAGTGC CTTTGATATT CACATCAATC 840  
 10 ATACTATCCC ACTCATCTAC TTGATAATCA GTAATCTTAG ACGACAACAT TTGCCCCGCA 900  
 CTATTGATAA CAATATCCAA ACCACCGAAT GTTGTGTGTG CAATTTTAT CAATTCATCG 960  
 ACTTCTTCTT TATTCGTTAC ATCTGTTGGC ACTACCTTCA CACTATCTTG TGACAATTGA 1020  
 15 TTCGCTACGT TTTGTAATTT TTCTTTATTT CTACCTGCTA AGACAACTTT TGCCCCCTCT 1080  
 TCATGTAGTA ATGTTGCAAT TGCTTCTCCA ATACCACTAC CTGCACCTGT AACTACTGCT 1140  
 ACTTTATCTG TTAATACTGT CATAATGATC GACTCCTTTG ATTCTTTTTA TTTTTCAGG 1200  
 20 GTAAATCATA AATACATATT ACTTTTAAAA AGCGTATCAC AATTCATATA ACGGTCATAA 1260  
 TAACTCGCTT CATTTTCATA GATAAATTAC ATTACAAGCC ATTCGAAACA TACAATTAAT 1320  
 CGTTGCTTAT ATTTTTTATT TTTAAAAATG TTGAAAAATC GTCACCTCTT TATTGTAAAA 1380  
 25 ACATTATATT AGTAATAAAG TTAATACTGT GnATTTaTCA TTCGATTGAA TGATTAGAGG 1440  
 GAGGAATAAA ACgTGACATA TCATGAGCGT GTTTTAGCAT TAAGAGCAGA AAGTAAAAGA 1500  
 30 ACCGCATTTG ATTTTCGATT CGAAGATTTA TTTAGCAAAG AAGAATGGcT AAGTATGTCT 1560  
 CTTGCAGAAA GACAAAAAGC TGAAAAAGCA TTTGCACACG AgTTAAAAAT ATGGACGATG 1620  
 TAAGAATGCC CTTCTCAAGT GTCCATGACG CCCAAGTAAA ATTATATAAT GTTGTATATT 1680  
 35 CTTATAACGG CaTTAAACGT AATTTTAAAC AAGTTGAAAA TGGAAGGATT CTAATATCAT 1740  
 TTCGTTTATA TATnGCAGAC CATGGATAGA ATTTTnTATG GThAATCC 1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 331:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1341 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 331:

50 TAAGCCAAAT CCATTGTTAC CAGAAGAAGT TCGCTTCATC TAAAAACAAA TGGGTCTTAA 60  
 AGAAAAGACT ATCGATGTTG AACTCGAAGT TGGCGAGCAA GTTCGTATTA AATCAGGTCC 120  
 55 ATTTGCGAAT CAAGTTGGTG AAGTTCAAGA AATTGAAACA GaTAAGTTTA AGCTAACAGT 180

GCTTTAATTA ACAATTAAAG TTATTAACT AACCAAAAGA TAAAAAAGAG TATTGATTTT 300  
 TTAATTAGAA AAGTGTTAAA ATTATGTGGT cGcGCTTTTA GAGCGCCCAT TTCGTcACGA 360  
 5 AATGTTAAGA GTGGGAGGGC AAAACTGAGC CCTGTGACCA CATCACGATA TCAAGGAGGT 420  
 GCACATCGTG GCTAAAAAAG TAGATAAAGT TGTAAATTA CAAATTCCTG CAGGTAAAGC 480  
 10 GAATCCAGCA CCACCAGTTG GTCCAGCATT AGGTCAAGCA GGTGTGAACA TCATGGGATT 540  
 CTGTAAAGAG TTCAATGCAC GTACTCAAGA TCAAGCAGGT TTAATTATTC CGGTAGAAAT 600  
 CAGTGTTTAT GAAGATCGTT CATTTACATT TATTACaAAA ACTCCACCGG CTCCaGTATT 660  
 15 ACTTAAAAAA GCAGCTGGTA TTGAAAAAGG TTCAGGCGAA CCAAACAAAA CTAAAGTTGC 720  
 TACAGTAACT AAAGATCAAG TACGCGAAAT TGCTAACAGC AAAATGCAAG ACTTAAACGC 780  
 TGCTGACGAA GAAGCAGCTA TGC GTATTAT CGAAGGTACT GCACGTAGTA TGGGTATCGT 840  
 20 TGTAGAATAA TTTTACGAAT ATTAAATTG ATTACATGAT TTAACGATG AAGCAGATAA 900  
 CAGAGATAAT AATGATGAAT TATAAATATA ATCTGAATGA CTAGATTAAT GATTGATTTA 960  
 TTCATAAGAT TAATTCTTCT GTTGTCTGcy CTTAACTTGC ATATAGCAAG TAATGTGGGA 1020  
 25 GGAAATTCCG CTAAAACCAC TAAAGGAGGA ACTATAAATG GCTAAAAAAG GTAAAAAGTA 1080  
 TCAAGAAGCA GCTAGTAAAG TTGACCGTAC TCAGCACTAC AGTGTGAAG AAGCAATTAA 1140  
 30 ATTAGCTAAA GAAACAAGCA TTGCTAACTT TGACGCTTCT GTTGAAGTTG CATTCCGTTT 1200  
 AGGAATTGAT ACACGTAAAA ATGACCAACA AATCCGTGGT GCAGTTGTAT TACCAAACGG 1260  
 AACTGGTAAA TCACAAAGTG TATTAGTATT CGCTAAAGGT GACAAAATTG CTGAAGCTGA 1320  
 35 AGCAGCAGGT GCTGACTATG T 1341

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 332:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5136 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 332:

CTCTAAATCT TCAATAGGTA ACTTCATTTT AATAATTCCC ATTTGAACAA TTGCTTCTTC 60  
 50 ATCATTGACA ATTTCTAAAA CTTCAACCCTT TTGACCGTAA GAKAATACTT TkACTTCATC 120  
 ACCAGCAACA ATTTTATCGT ATTTTGTGCTT TTGTACATTT TGCTTTATAG ATTTGCTTC 180  
 ATAATGATCA TCTAATCGTT TCTTCTTATC AATCAATTCA TGTTCTTTAA CATCTGCACC 240

## EP 0 786 519 A2

CTTAATCTTC TGATTTGCTT TkTCTTTTCGC TTCCTCTATT AGAGACTTTT CATAATTTTG 360  
 GAATTGTTGA TACTGCTTAG ATAAATCATC ATGCACTTGT CCGCKTsKTT TACAAGACGG 420  
 5 TCCAGkTCTA ACCTCTGTGT CTCTACACGT TTGTAATTAC GCTCTAATGA TTCAATCATT 480  
 TCATTTATTT CTTTTTCATC AGTACCAATC ATCGTCTTAG CTTATTAAT AATATTCAAA 540  
 CTAAGACCTA ACTTTTTAGA AATGTCAAAA GCATTTGAAC GACCCGGCAC ACCCATTAAAT 600  
 10 AACTTATACG TTGGACTCAA AGTATCTACA TCAAATTCTA CACTCGCATT CATAACGCCT 660  
 TCTCGATTAT AACTATATGC TTTAAGTTCA GGATAGTGCG TCGTTGCCAT TACTAGAGAA 720  
 15 CCAATTTTTTC TAACATGATC TAAAATGCTC ATTGCTAATG CAGCACCTTC ACTCGGATCT 780  
 GTACCTGCAC CTAATTCATC AAATAAACT AAATATGTT TGTCTGCATG CTTTAAAT 840  
 TCAACTATAT TCGTCATAG AGATGAAAAA GTTGATAATG ATTGTTCTAT TGATTGTTCA 900  
 20 TCTCCGATAT CGCAATATAC ATTTTTAAAT AACTTAACT GACTACCATC AAGTGTGGGA 960  
 ATCAACAATC CTGATTGAGC CATAACAATA ATTAAACCTA ATGTTTTTAA TGTACAGTT 1020  
 TTACCACCTG TATTGGTCC TGTAATAATT ACCGTTTCAA TATCTTCCAT AAATTCGATG 1080  
 25 GTATTAGCTA CAACAGTCTC ACGATTTAAT AATGGATGGT ATGCTTTAGG TAAATATACA 1140  
 GTACGGTCCT CTTTAAATAT CGGCTTTGTT CCTTTAATAC TTCTACTATA TCTCGCTTTT 1200  
 GCGATTAAAA AATCTAACTG ACCCATGACT TGTTCTGCCA CAAGTAGTGC ATCTTTGTCC 1260  
 30 GCAGCCACAT AACCAGTTAG TTGCGTTAAA ATGCGTTCTT TTTCAATTGC TTCGTCATGA 1320  
 CGTAATCGAC TAATTTGATT ATTCATTTCA ACAACTGATG ATGGCTCAAT ATACAATGTT 1380  
 35 TGTCTGAAG CAGATTGATC ATGTACAATC CCATTAAAAT CTGTGCGATA TTCAGCTTTG 1440  
 ACAGGTATAA CGTTTCTTTC ATTCTAACT GTTACAATAG CATCTGATAA TTTTCTGA 1500  
 TTTGCTTGGC TTTTAAACAT ACGGTCCAAA TTTTGTCTAA TACGTTGATT CGTGCTAGAA 1560  
 40 ATTTTACTTC TAATCCCTTG CAATTCATAA CTCGCATTAT CATATAAATC ATACGTATCG 1620  
 CATGTTTCAT TTATTTGTTG AAAAAGATCA GTTAACACAG GTAATTGATT CATCTTGTC 1680  
 TCTAATATTG GGTATTTAAC ACCTTCATCT TCTTCAACCA ATTGATTATA AAATGTCTTG 1740  
 45 AATTGATTTT GTACTTGAAT TAATCTTTTT ATCAAGTTAA GCTCTGATAC ATTTAAAACG 1800  
 CCGCCAATAT CAGCGCGATG AATGAATGCT GATACTTTAG ATAAGCCACT CAAGCTTGGT 1860  
 50 AAACGATGCT TATTATAGAT TTGAGCAATC TCATCCGTTT CTTCCATTG AAAAACAACC 1920  
 GTTTCAAAAT TAGTAGCTGG CATCATTTGA TTGACCTTTT CCAAGCCTAA GTCACATAA 1980  
 GTTTCATTGG CAACGAGTGA TTTTATTTTT TCAAATTCTA AGACGTCTAA TGTTTTTTGT 2040  
 55

	TCACGCGATA ATGCGTTAAT CACTCTATCT TTTGTTACAA ATCCTTTTGTG CGCAGTTGtA	2160
5	CGCCATAATT CATAAAATCT AAATGATTTG TATGATGCGC ATCAGTGTTA ATAGTTAATT	2220
	TCACATTTGG ATATTTACGA ACGATATCAG CGCTCAGATC CAGTCGATGT GGATTGGCAT	2280
	TAATTTCTAA TACTGTATTG GTTTCTTCAG CTAATGCCAT TAATTGTTCA ATATTCGGTT	2340
10	TATAACCATC TCTTCTACCT ATAATACGCC CTGTTGGATG CGCTATATGT CGCACGTATG	2400
	GATTGCGACA TGCATTAGCT AATCGTTCCA TAATTTGTTT TTCTGATTGG TTAAAGCTTT	2460
	GATGAATAGC TCCAATTACA TAATCAAGTT GTGCTAAAAT TTCATCATCA TAATCCAGCG	2520
15	AGCCATCAGG TAATATATCC ATTTCTGTAC CTGAATAAAT ATCAATTTC AATATTCTT	2580
	TATCTAAAGC CTTAATTTCT TCGTTTTGTC TTAAAAGTCT TTCTACTTGT AAGCCATTAG	2640
	CAACACGTAA ACTTTGTGAA TGATCAGTAA TTACCATGAA TTTATAACCT TTTGCGATAT	2700
20	TTGCTTCTAC CATGTCTCGA ATAGAAAACG CACCATCACT ATACGTTGTA TGCATATGAA	2760
	TATCACCATT AATATCATCT ATTGTAATGA TATTACTTAG ATCTTTATCA AATTGCTAC	2820
25	CATCTTCTCG CATAGCAGGT GGTATAAAAT TCACATTAAA ATGTTTCATAT ATCTTGGCTT	2880
	CACTATCATA TTGAATTAAT GTACCATCAG CTTGTTCAAT TCCATATTCA CTTACTTTTT	2940
	CATCACGTGC TTTAGCAAGT TGTCGAATTC TTATATTATG TTCTTTTGAC CCAGTAAAAT	3000
30	GCTGCAATGT ATGATAAAAA GCACTTGGTT CAATTAATCG AAAATCGACA CCAATCGTTT	3060
	CATCATCATA CGCTAATTCT AATGAACTT TTGTGTTCCC CACTGCAACT TCTTTTACTT	3120
	TATTGGGAAT ATTTAATAAT TGCTGCTGCA CTGCTTTTGG GTTATCGGTA CTTATTATGA	3180
35	AATCTAAATC TTTGCTCATT TCTTTAAAAC GACGGAAGCT TCCTGCAGAT GAATATTGAT	3240
	CGATATAATT TAATGTATCT ATATAATCAA TGATTTCTTG ATTAAGTCTT CTCATTTGAT	3300
	CAATTGGATA TCTATCTTTC TTAGCACCAA GTTGTTCAC AGCTTCTAAT ATGTTTTGTT	3360
40	CCGTTTTCTT AGCAAATCCG CTTAATTCAC TAACTTTTCC ATTTTCACAA GCAACTTGAA	3420
	GTGACGCTTT ATCAACAATA TTCAACTCTT TATATAGCTT AGCAATTTTC TTGCTTCCAA	3480
45	GTCCTTGAAT TTTCAAAAGT GGAATAAGAC CTTCCGGAAC TTCTTCCTGT AATTGCTGTA	3540
	AATACTGAGA TTCACCGGTC TCACGGTAAT CATTGATTAC TTCTGCAACA CCTTTACCAA	3600
	TGCCTTTtAA CTCCGTtACA TCAGATATTT CATCTAATGG TCGTTCATCT AATTCAAGAC	3660
50	TTTGAGCTGC TTTTCGaTAC GCTGaTATTT TAAAAGTATT TTCCCTTTT AATTCCATAT	3720
	AAGTAGCAAT TTGTTCTAAT AGTTTGATAA CATCTTTTTT TGTCATAATA ACACTCCATA	3780
55	AAAAGAAGAC CAGGACGTAT CATTAAATATA TACCTTTGTC CTGACCTCTT ATGATAATTT	3840

TAGATATTTT AAGCTGATGT TGTAATGCTT CGTTAGGATA TAATGCCAAT AGATATAACG 3960  
 TAAAGTGTA GACCAATTATC GTCATAAACA CACCAACTAT CATTCCCATT GCACGACTGA 4020  
 5 AAATATGAAT GTTTTGATAC GCTATTATTT TATCAAAAGT TACGATAATT AGATATAAAA 4080  
 TGAACCTACA AAACAATGTA ATCATTAAAA AAGCTACAAT CGCTTCAAAT CGATTTTGTA 4140  
 10 GATGATTAAA ATGAAACGCA AAAGTTGTAT TAAATGCTGT TGTTTATAGGA TATGGAATAA 4200  
 ATACAATTAA TCTTTCTACA ATAGATTTGT AAAATTGACT GGCAATCCAC AATGATACAA 4260  
 nCGTTGCACT CAAATGTATC ATAGATAACC AAAAACCTCG TCTGAATCCA ACGATGACAA 4320  
 15 AATACACAAA GAAAATGATT ATGATAAAAT CAATGACCAT TTATTGCTCA CGCTGCTGCA 4380  
 ATTTGTGAAT TTGTTGTTTC AAACGTCGAT TTTTTTCTT CTAGTAGTAC TTTTTCATGC 4440  
 ATAATATTCA CAGCAGTTAG TATTGCTTTT CTTGAAGTAT CTAAACCTGC TGCTTTATAC 4500  
 20 CCTAATTCCT TTATTTTATC ATCAACTAAA TGTGCTACAT ATCGTATGTG CTCTGGGTTA 4560  
 TCTTCCCCAA CAATTGTAAA AAGCTGATCA TTAATTGATA CATTACCTT GTTTTTAAAC 4620  
 TGTGTCATTT ATAATTTCTC CTGATCCTTT TTTTAAATC TAAATTCACG TTATAAAATA 4680  
 25 TGACTGGATA GTTGTCTGA ATTTGATACT AATATTGTGA TATTGCAATT ATGATAAAAC 4740  
 AACAAACAAA TCTCTATAGA TGACTTAATG TTCTTTTAT AATGAAATAA TGTAAGAAT 4800  
 30 TTTCTATTCA ATACTTTATC ATGTTTAAAT TGTGCTACTA TAACATTTTC ATAAACATTA 4860  
 TACATGACCA CTATGTATTT TGTAAGTATC CGCAATTAAT TCTTTACAAC ATACATAAAT 4920  
 GTTTCTGACG TTATTATCAT TTATGATATG ATTATTTTTG CTAAAGACAA TGAAATTTTA 4980  
 35 TGAAAGGATT TACACAAATG GCGAATATCG TTTTTAAATT GTCGGATAAA GACATAACGA 5040  
 CATTAATGTC ACGCATTTCT TTTGATACTG AGAATTTACC TCAAGGnATG AnAGCACGTG 5100  
 CAAAGTATCC AAAATACAAC TGTAATATT TACCAT 5136

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 333:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4239 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 333:

GGCCAAAATT GCACCTCCAC TTTCTTTGA ACAAATCTAT TTAAACGCA CATTCCCATT 60  
 ATGACAAATT AAATGTGAGT nACATTTGTT TGTATTTTAA CATGACTACT AACGCAACT 120

	GGTATCTTTC	AAAGATAAAA	TCTTAATAAT	TTCTTAGTAA	ACTCTTTTCT	CTAGATTTAT	240
	CACAATATTA	TATAGACCTA	TTTTATTTTG	ACGTAAGTTG	CTAGTATCTT	CAAACAAAAA	300
5	ACCTTTATAA	AAATTCATAC	CTTTATGCTA	TCGCTGTAGG	CTCATTAACT	TGTTACATAT	360
	AATTCTTAAC	TATCCTTTGA	TGATTGTTTT	ATTAGATTGT	TTCGTTGATG	GATACTTTCA	420
10	CGAATTTCTA	TAGTTCAATG	CTACTAAAAA	AACAGCCCAA	AACTTTAATT	TGTTTTGGAC	480
	TGTTTTATAA	TTATGCTTGC	GATGGTGTTC	TAGTTTCTGA	AGTTTGTTCA	GCAATGTCAT	540
	ATTTAAACTC	TTTACCATCA	TGATCTACTG	TAACTTTCTT	ACCTTCAATT	TGATTACCAT	600
15	CTAATATTAA	TTCACTTAAA	TTATCTTCGA	TAGTTTTTTG	TATCGCTCTA	ATTAATGGTC	660
	TTGCACCATA	TTCTGGATCA	TATCCTTCTT	CTGCGATTTT	GTCTTTCGCT	TTATCAGTTA	720
	CAATAATATT	TATGTTTTGT	TCAGATAATC	GATTTGTTAA	TTTATTAACC	ATCATTGTTA	780
20	CAATTTCTTT	TAATTCCTCT	TTTGTTAGTT	TATGGAATAC	AATGATATCA	TCTACACGGT	840
	TTAAAAATTC	TGGACGGAAT	GAATTTTTTA	ATTCTTTTAA	CATCGTTTTT	CGAATTGTTT	900
	CATAATCTTG	TCCATCACTT	GAACCACCGA	ATCCAGCAA	TCGTTGATCT	TGTAATTCCT	960
25	GTGCCCCAAC	GTTTGATGTC	ATTATGATAA	TTGTATTTCT	GAAATCAACT	GTACGTCCTT	1020
	TTGTATCTGT	CAAATGTCCA	TCATCTAAAA	CTTGTAATAG	AATATTAAAT	ACATCTGGAT	1080
30	GAGCTTTTTC	AATTTTCATCA	AATAAAATTA	CAGAATATGG	TTTACGTCTA	ACTTTTTTCAG	1140
	TTAATGTGCC	ACCATCATCA	TGACCAACAT	ATCCTGGAGG	AGCACCAACT	AATCGGCTCA	1200
	CTGCGTGTTT	TTCCATAAAT	TCACTCATGT	CTACACGGAT	CATCGCATCA	TCATCGCCAA	1260
35	ACATTGATTG	AGCTAAAGCT	CTAGCTAATT	CAGTTTTACC	AACACCAGTT	GGTCCAAGGA	1320
	AGATAAAGCT	ACCAATTGGT	CGTTTAGGAT	CTTTTAACCC	TGCACGGGCA	CGTCTAACCG	1380
	CTTTACTGAT	TGAATTAACA	GCATCTTTTT	GCCCAATAAC	TCTCTCATGT	AATGTATCTT	1440
40	CTAGACTAAG	AAGTTTTTCA	GATTCTGTTT	CATTGATTTT	AGTTAATGGG	ATACCTGTCC	1500
	ATCCTGCAAT	AACTTCAGCA	ATATCTTCTT	CTGACAATGA	AGTTGACATG	CCATTTTGTG	1560
	CATTCTTCCA	TTCATTTTTA	GCTTCTTCAT	ATTGCTTTTC	AAGTTTTGTT	TGTTTATCAC	1620
45	GCAGgTTAGC	AGCATTTTCA	AACTCTTGAG	CATGTACTGC	GGCATCTTTT	TCATTTTTAA	1680
	CTTTTTCAAT	TTCTTGTTCA	ATTTCTTTTA	AATTATTAGG	TGTCGTATGA	CTCTTAAGTC	1740
50	TTACTTTAGA	ACTTGCTTCA	TCAATTAAAT	CAATTGCTTT	ATCTGGTAAG	AAACGATCTG	1800
	AAACGTATCT	GTTACTTAAT	TTAACAGCTG	CTTCAATAGC	TTCGTCTGAA	ATATTAATAC	1860
	GATGGTGTGC	TTCGTAACGA	TCTCTTAATC	CTTTTAAAT	AGCAACTGTA	TCTACTACTG	1920

55



## EP 0 786 519 A2

	TTTTGCGATA	TTCATCTAAT	GTAGTAGCAC	CAATACATTG	TAATTCACCA	CGTGCTAATG	2040
	CCGGCTTCAA	AATATTCGAA	GCATCGATAG	CACCTTCAGC	ACCACCAGCA	CCAACTAAAG	2100
5	TATGCAACTC	ATCAATAAAT	AGGATGACAT	TACCTGCTTG	TTGGATTTCT	TCCATAACCT	2160
	TTTTCAGACG	CTCTTCAAAT	TCACCACGAT	ATTTAGTACC	TGCAACTACT	GTTCCCATAT	2220
	CTAAAGACAT	AACACGCTTA	TCTTTTAATG	TCTCTGGTAC	CTCATTATTC	ACTATGGCTT	2280
10	GCGCTAAACC	TTCAGCAATA	GCAGTTTAC	CAACACCTGG	CTCTCCAATA	AGCACAGGAT	2340
	TGTTTTTCGT	ACGTCTACTT	AATACTTCAA	TTACACGTGT	AATTTCTTTA	TCACGTCCTA	2400
	TAACAGGATC	TAATGTACCG	TCTTTGGCAA	TGACTGTTAA	GTCACGAGCT	AAACTATCTA	2460
15	AAGTTGGAGT	ATTATTTGAC	TTACTAGCTT	GTGCATTTTT	ATTACTCATT	TCAGGGTTTC	2520
	CTAAAGCTTT	CACAACTTGT	GCACGTGCTT	TAGTAATATT	TAAATCTAGA	TTTGCAAAAA	2580
20	CTCTTGCTGC	AACACCTTCA	TTTTACAGAA	TCAAGCCTAA	TAAAATATGT	TCCGTTCCAA	2640
	CAAAATTGTG	ATGTAATTTT	CTAGCTTCAT	CCATCGATAA	TTCAATGACT	TTTTTAGCTC	2700
	TAGGTGTATA	ATGCAATGTA	CCAACATGAT	CTTGACCATG	TCCGATTAAT	TTTTCAACTT	2760
25	CTTCAATTAC	TTTATCTTCA	GTGATATTAA	AACTTTCTAA	TACTTTTGCA	GCAATTCCTT	2820
	CAGTTCTTTT	CATTAACCCC	AATAATAGGT	GTTCTGTTCC	TATATTTGAA	TGATTTAAAC	2880
	GAATTGCTTC	TTCTTGGGCA	TGTGCTAATA	CGCGCTGTGC	ACGCTCAGTT	AATCTACCAA	2940
30	ATAACATAAA	TAATGACCTC	CTACTTTATA	TGTTCTCTTA	GTATATCTGC	TCGTTTTTCT	3000
	TTTACAGATT	TGTCATCTTC	TTCATCTAAT	AAAAATGGTG	ACTGTATAGC	TACCATCAAT	3060
35	TCATTAAATT	TAAAGTTTTG	TAATTCAATG	TAATTTAAAT	CTATACCAAG	TTTAACTCGC	3120
	TTAATCTATA	AGAAGCCTCT	TCCATAGTTA	TCATTCTACA	GTTTTGTAAA	ATACCTAGCG	3180
	AGCGAAAAAC	ACGGTCTTGT	GTTTCTAATT	GATTATAAGT	GTCTAACTTT	TGTCGTATTT	3240
40	GTTTTTCTTC	ATGAATGATT	TGATTAAACA	CTTCTGTTAA	TGTTTCTATG	ATTTCTAACT	3300
	CAGATTTACC	AAGTGTAAGT	TGGTTGGATA	CTTGATAAGT	ATGTCCATAA	ACTTGCGAAC	3360
	CTTCACCGTA	AATACCTCTG	ATTGTATATC	CAAAACGATT	AATGGTTTGA	GCAATCCGTG	3420
45	TCATTCTTTT	CATAATAGAT	AGACCTGGCA	AATGTAGCAT	CACGCTTGCT	CTCATACCAG	3480
	TACCTATATT	GGTAGGACAT	GTAGTTAAAT	AACCAAGTTG	TTCATCATAA	CTTATATCAA	3540
	GGCTTCGATC	TAATTCATCA	TCAATTGATG	AAGCTTGATT	ATATAAAGCC	TGTAATGTCTG	3600
50	TGTCAGTTCC	CATAGCTTGA	ATACGAATAT	GGTCCTCTTC	ATTTATCATG	ACACTTAAAG	3660
	ATTCATCGTC	ATTCACTAAT	ACTGCGGCTG	CTGGTTGTTT	TATTAGTTCA	GGACTAATCA	3720

55

	CAAAGTTTGG CAAGGCATCT TGTACCTCAT TTATAACTCT AAATCCCATC ATTTTCAGTA	3840
	GCATACATTA GTGGATGCAC ATGATTTTCT AAAATACGCG CTAACCGAAT TCTAGAAGAC	3900
5	ATAACAATTG GTGTTTCTTC ATTACTTTTC ATCCATTGGC TGATATTATC ATGAATATTA	3960
	TGCGTCATCA TGTTGCACCT CACTCTCAGC TTTTAGTGCT TTAATTTTCAT CTCTAACAAT	4020
	GGCTGCTTCC TCAAAATCTT GGATTTCAAT AAGTTTTTTC AAATATTTCAT TCTTTTCTTC	4080
10	GATTTTTTCGC TTAAAGCTA TCTTTTTATG TGAAGAATGT GGTGTCCTTC CAACGTGCTC	4140
	AAATTGTCCA CCTTGAATC TGCGGACGAT ATCAATGATG TCATCTTTAA ATGTTGcATA	4200
15	ACAATTAGCA CACCCAAATT TACCAACATG TGCAATATC	4239

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 334:

## (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1245 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 334:

	CAAAACTTTG ATTATGTCGT GTCAGTTATT AATGCATACA GTAATGCATC GTTGTTATTT	60
	TTTATTTTATT TACTATTTAT TATGTACCAA ATCAGCCTTt CAGTAAAATA GGTCAAATTA	120
30	CTGATTTTCT AAATATAAAA TGCCTCCTAA TAACATACTA TTAGTACATC ATTAAGAGGC	180
	TCTTGTTGTTA TTTGCATACT AAGCGCTCAA ATTTAAATTT AAGATGAAGA TTCTTGCAAT	240
35	AATATTTCTA TATTTGTCGA TATATCCAAT GGATCTTCCA TTGGCAAGAA TCGATTTACA	300
	ACATTTCTCTT GTCGATCGAT TATAAATTTT GTGAAATTC ATTTTATTGG GGaCCCAAG	360
	ATTCTGGTT GTTCaTTCTT TAAATGCGtA AATAACGGAT GTTCATCGTT CCCGTTcACA	420
40	GATATTTTAG CTAACACTGG AAATGTTACA CCAAATTTCT CACGACTAAT TTTCAAGATT	480
	TCTTCATTAG AACCTGGTTG TCGATTGTCA AAATTATTAT TCGGAAACT CAACACTACA	540
	AACCCACGAT CCTTATATTT TTGAAATAAA GTCTCTAGTT TTTTCAATTG TTCGCTATAT	600
45	ATACATTCTG TTGCAGTATT AACAACTAAA ATCACTTTAC CTCTAAATGC TTCTAATTTA	660
	TAAGTTAAGC CTTTATAATC ACTTACTTCG ATATCATACA CATTTCTATT ATTcATAAGA	720
50	CACCCCTACA CAGCCTTTTT TATATTGAAT ATGTTCTTTT TAGAATGTTT TGATAAAATA	780
	AGTGCGCGTT TACACCGTGA ACACACATTA TATAGCGTGA TACATTTTTC GAGCACACGA	840
55	TAAATAATGT TCGAGTTTAT GTTGTGCTC AACCTATCCG ATTTACCGTC TTTTTTCACC	900

EP 0 786 519 A2

CCGTTATAAC CCCTCATTAT AATCATCCTT ATTTTCTATT TTTAAAAAGA CAATTAGACC 1020  
 GCTCTTTAAA CTATAGaTTA ATACTTAAGk TAAACTCATA CATACTGATA CCATACGTTA 1080  
 5 GATCTAACAA TTTAAAATTC GTTATAACTA TGGATTAAAG AGCTGCCCAA CTCATATAAT 1140  
 CCTTAAAAAC TTCACATGTG ATTGtKtATT AAGCCCTCCT TTATChTATT AAATATCCTT 1200  
 10 ATAACCCTTT TAAAATTAAA CTGACACACT CATACTTGT TACAC 1245

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 335:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 335:

CTTGTAAGG TAGTTGTTCA TTTAAATTAA AACAGTATGC TAAGTTnGTG CTTATATTTT 60  
 GCAACTTCAA TTCGACAGGC TCATCTTGAT ACATGAATGC CTCAATTTCA TCATGTGATA 120  
 25 ACTTTTTTCAA AATATCAATT AAATGrATAC TAAAAACGAT AAATAACATA TCCCAATTTG 180  
 AATTCAGCCC TAGCGATTTT AATTGTGTTA AAATCTTATC TTTTtGAAAA ATTTCGATTCC 240  
 TAATGTCTTG TATATCGTTA TCAGTCAAAG TTTCCCAATC TATATGTGAA TGAAGACCTA 300  
 30 AATAACACTT ATCCATTAAT AATTCATATA CCGTTAATGC AGAGACATCG AAACAACGTT 360  
 CTTCACTTAr AAAAACGCCA TCAACATCAA ATAAAATTTT CTTCACAATC CCCACTCCAT 420  
 35 TTCTGaAAAT TCAGaTATAA ATCATtCTAC TATTTGACTA AAAAAAGCGC AAACCCtATT 480  
 GAAGTaGATT TGCGCTTTAG CTGTtnAAAT TTTATAAATG TnTTTCAATT TCATCAGCAA 540  
 CCTGCTGTAC GTGTGTACCG ACAATAACTT GAGTTGAATG TTTGCCATTA ACAGTAACAC 600  
 40 CAACTGCACC GCGTTTTTtA ATCTTCTGTT TATCAATAAT AGATGTGTCT TTTAACTCTA 660  
 GACGCAACCT TGTTGCACAA TTGGTTAAAT TAACAATATT CTCTTGACCG CCTAAACCTT 720  
 CTAATATTTG TATAGCATGT TGATGATATT TACTTTGTTT AATATCATTT TCACCAGGAG 780  
 45 CAATATTATC TTTTACAACt GTTGGGTCAA CTAATTCATT TTCACCTCTA CCAATCGTAT 840  
 TCAAGTTAAA TACTTGgATT ACTACACGGA AAATCACATA GTATAAGATG AAAAATACAA 900  
 CACCTTGAAC AAGCAACATC AATGGATGAT TTGATACTGG ATTAATTAGT GATAACACAT 960  
 50 AATCTATCAA ACCTGCACTA AATGAAAATC CAGCTGTCCA ATGGAATGTA GCTGCGATAA 1020  
 ATAAAGATAA TCCTGTtAAT AACGCATGAA CAACATATAA GATTGGCACA ACAAACATAA 1080

	ACCAACCGTA AACTTGTTTT TTCTGAGTAG TTTTAGCTGT ATGATACATT GcTAACGCAG	1200
	CCGCTGGAAT ACCGAACATC ATGATTGGGA AGAATCCCGC TTGATAGCGT CCTGTAATAC	1260
5	CTTTTATAGC ATCTTTGCCA CTTTGGAATT TACCAATATC ATTAATACCA ATCGTATCAA	1320
	ACCAGAACAC ACTATTTCAGT GCATGATGTA ATCCTGTAGG AATTAATAAT CTATTGGCAA	1380
	CACCATATAT GAAAGCTCC	1399

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 336:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1329 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 336:

	TATAGTTnTA TTATTTAGCG AAGCATTAAAT ACTACCACCG GTTATAACAA ATGTATTTTG	60
	CGTATTAAAT TGAATGGTAG GACCAATCAA AGTATATTCA ATCGCTGGAC CATCATTTGTT	120
25	AATTAATGAC TCGCAACCT TAAACTAAA TTGATCCATG GCACCTGCGC CTGAAAATCC	180
	AATATGTTCA TAACCTATTC TTCCTAGATC TTGTACCGTT GAAAAGAGAC CTGGTTGTAA	240
	AATCTTAATT GACATTTTCA ATCACCACCC AGTCATCAAC ATTAAAGTTG CCATCTGATA	300
30	TATCTCTTTC GATTGTGATA AATTTCTGTT CATCTATTGC ATAAAATTGT ATCCATTCTC	360
	CTGCTTCGTA CATTGACATT GGTTCACGCT CGCTGCTAAA TACTTTTAAc GGTGTGCGTC	420
35	CAATAATTTG CCATCCGCCA GGAGAATCTG ATGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTGCAA	480
	TACCTACAGA ACCTGCATGA ATTTTTAACC TTGGCTGATT ACGTCTAGGT GTATGTAGTT	540
	GTTTCATCAAG TcCGCCTAAG TATGGAAATC CTGGCATAAA TCCTAGCATA TATATTAAAT	600
40	AAGGTTTACT TGTATGTTTT TCAATAACTT GCTCAACAGT TATTCGATTA TGCTTTGCTA	660
	CTTCTTCAAT ATCTGGTCCA TATGTACCAC CATATTGAAC AGGTATTTTA ATAATACGAT	720
	TGGTTTGATT CACAGCATGA ACATTTTTTTT CATTAATTTT GTTAAGTTCT AAATTTTCAA	780
45	TTAATTTAGA AGATGTTATA GCTTGTTTCAT CAAAATATAT TAGAACTGCT CGATACGAAG	840
	GGACAATATC TTGAATTTCT AATATTTCTT TTTCTCGTAT CCACCGTACC ATTGCTGTGA	900
50	CATTACGATA TGTCTCTTCG GATATTTTAT TTTCAAATA AATCATAATT GTCTGCTCGT	960
	TAATAAATCT TACATCCACT TTAAATCCCC CTTTGATTG CAATAAACCA GTATTGAATA	1020
	CCTTTTCATT GTATCATTGA GAAGCACAAG TTGTTTAATA AGTAATTCAA ATCGCATATA	1080

EP 0 786 519 A2

	TTAATATTGT AACTCTTACA CTAATTTAGG TTCTGCTATC ATTCGGTCTG ATGGAAAATT	1200
	TTTACTTTTC ATCTGTCCGA TTTTGTGATT TTGAATATAA AAAAGCACGA CCGAAGTATC	1260
5	ATTAACACAC TTCAATCGCG CAATTAAATA ATCTATTTGA TCATTTATTG GATATTAACA	1320
	ATTTTTACG	1329

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 337:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3421 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 337:

20	GAATAGTGCC ATTTGGAAAG ACATAAAGAA TCCAGAAGCA CCTTTAGCGA ATATGCCGTG	60
	TTTCATATAGA TTTGTGAAAC TGGCATGCCC GAATTGAGTT TTAAATGCAA ATAGAATCAT	120
	GACGAAACCA ACTACTATTA AACCAATAAT TGTCGCTATT TTAATGATAG AGAACCAAAA	180
25	TTCTAATTCT CCGAAAAGTC TTGCGCTAAG TAGGTTGAAT GACATTAATA ACAGTACACA	240
	AAATAGTGCA CTTATCCAGT TTGGAATTTT TGGGAACCAA AAGCTAACAT ATTTTGCCAC	300
	AGCCGTTACT TCAGCCATAC CTGTAATAAT CCAACAGAAC CAGTATGTCC ATCCGGTAAC	360
30	AAATCCTGCA AAAGGCCCAA TATATGTATT GGTTACATCT GCGAAAGATT TAAATTCAGT	420
	ATTCTGTATA ATGATTTCTC CTAAACCTCG CATAACATA AATAACATA ATCCTATAAT	480
35	GATGTATGTT AATAGAATTG AAGGGCCGGT TAATGCAATC GTTTGACCAG CACCTAAGAA	540
	TAAGCCTGTA CCAATTGCAC CGCCAATTGC AATTAATTGT ATGTGGCGAT TGCTCAGTTC	600
	CCTTTGTAAT TTTTCAGCCA TAATACATCT CCCTTAAATA TAGATATGTT TATTATGCAC	660
40	TTATATTGAG ATATATACAA TTATTTTCGG TAAAAATGTG TAAATTTCCA TGTTAATATA	720
	CTTTGGTTTT TATAATCATA TATAATAACC AATTGAAAAT TTAATTTCTAT TGTAATTTT	780
	ATGGATTATT CACATCTTGA AAAAGCTTTA ATGGTGCTAT TTGTGGCTAT TCTGTGACAT	840
45	TTACATAGAT TTACAAAAA ATTGTTGCAC ATATAATGCC AGTtTTTATA TTTACAAAC	900
	GAAATGCGTT TAcTATAATA TTAGTTGAAA GCCATTTTCAT AAAGAAACAG TAAAGGGGAA	960
50	ATTtATCaTa GCMGaATTAC AAAGAGGTTT AGAAGGGGTT ATCGCMGCCG AGACTAAAAT	1020
	AAGTTCAATT ATTGAAAGTC AATTGACTTA TGCCGGCTAT GATATTGATG ATCTAGCTGA	1080
55	AAATGCGCAA TTTGAAGAAG TTATTTTCCT ATTATGGAAC TATAGATTGC CAAACGAAGA	1140

	TACACATTTT	GAGGAGTATG	TTACAGATCA	CGTGCATCCA	ATGACAGCAT	TACGTACGTC	1260
	ATTATCATAT	ATTGCACATT	TCGATCCTGA	TGCTGAAAAT	GAATCAGATG	AAAATCGTTA	1320
5	TGAAAGAGCA	ATGCGTATAC	AGGCTAAAGT	AGCATCATT	GTTACAGCGT	TTGCTCGAGT	1380
	AAGACAAGAT	AAAGAACCAC	TTAAGCCTAA	TCCTGACTTA	AGTTATGCGG	CAAACCTCCT	1440
	ATATATGTTA	CGTGGGGAAT	TACCAACAGA	TATAGAAGTA	GAAGCCTTCA	ATAAAGCACT	1500
10	TATTTTACAC	GCTGATCATG	AGTTGAACGC	ATCTGCATTT	ACGGCACGTT	GTGCGGTATC	1560
	ATCATTGTCA	GATATGTACT	CAGGTATTGT	AGCAGCCGTA	GtTCTCTGAA	AGGGCCATTA	1620
15	CATGGTGGTG	CAAACGAACA	AGTTATGACG	ATGTTATCTG	aGATTGGGTC	AaTTGAAAAT	1680
	GTTGATGCTT	ACTTAGATGA	AAAATTTGCT	AATAAAGrTA	AAGTAATGGG	cTTCCGGTCAT	1740
	CGTGTATATA	AAGATGGTGm	tCCTAGaGCG	AAaTATTTaA	GaGAAaTGAG	CCGTCAAaTT	1800
20	mCGAAAGACG	CTGGTCGTGA	AGAATTATTT	GAAaTGTcAG	TGAAaATGGA	AAAmCGTATG	1860
	GCAGAAGAAA	AAGGATTAAT	TCCTAATGTT	GATTTTTATA	GTGCGAGTGT	TTATCACTGT	1920
	ATGGAAATAC	CTCATGACTT	ATTCACGCCA	ATCTTTGCTG	TAAGTCGTTc	TGCAGGATGG	1980
25	ATTGCTCATA	TTTTAGAACA	ATATAAAGAT	AATAGAATTA	TGCGTCCTAG	AGCGAAATAT	2040
	ATTGGCGAAA	CGAATCGTAA	GTATATCCCG	CTTGrAGaAA	GAAAmTAATC	AATACAAATT	2100
	AAAAATGAAG	ATGTAAATT	TGGAGGTAAA	ATAACTATGA	CTGCAGAAAA	AATTACTCAA	2160
30	GGAActGAAG	GATTAAACGT	ACCTAATGAA	CCAATTATCC	CATTTATTAT	CGGTGATGGA	2220
	ATTGGACCGG	ATATTTGGAA	GGCAGCAAGC	CGAGTTATAG	ATGCTGCTGT	TGAGAAAaCC	2280
35	TATAATGGCG	AAAAACGCaT	TGAATGGAAA	GAAGTGCTAG	CTGGCCAAAA	AGCATTTGAT	2340
	ACAActGGTG	AATGGTTACC	TCAAGAAACA	CTTGATACAA	TTAAAGAATA	TTTAATTGCT	2400
	GTTAAAGGAC	CTTTAACAAC	ACCAATTGGT	GGTGGTATTA	GATCATTAaA	TGTGGCTTTA	2460
40	CGCCAAGAAT	TAGATTTATT	TACTTGCTTA	AGACCGGTAC	GTTGGTTTAA	AGGAGTACCA	2520
	TCACCTGTTA	AACGTCCACA	AGATGTTGAT	ATGGTTATTT	TCCGTGAAAA	TACTGAAGAC	2580
	ATTTATGCTG	GTATTGAATT	TAAAGAAGGT	ACAACAGAAG	TTAAAAAGGT	AATTGACTTC	2640
45	TTACAAAACG	AAATGGGTGC	GACAAACATT	CGATTCCCAG	AAACTTCAGG	TATTGGTATT	2700
	AAACCAGTTT	CTAAAGAAGG	AACTGAGCGA	TTAGTTAGAG	CAGCTATACA	ATATGCTATC	2760
	GATAATAACC	GTAAATCAGT	TACTTTAGTT	CATAAAGGTA	ATATTATGAA	ATTTACAGAA	2820
50	GGCTCATTTA	AGCAGTGGGG	TTACGATTTA	GCATTATCTG	AATTTGGTGA	TCAAGTATTC	2880
	ACTTGGCAAC	AATATGACGA	AATTGTTGAA	AATGAAGGCA	GAGATGCTGC	TAATGCTGCT	2940

55

EP 0 786 519 A2

	TTACAACAAA TTTTAACTCG TCCAGCTGAG CATGATGTTG TAGCAACTAT GAACTTGAAT	3060
	GGTGACTATA TTTCAGATGC TTTAGCTGCA CAAGTTGGTG GTATTGGTAT TGC GCCAGGT	3120
5	GCAAACATTA ATTATGAAAC AGGTCATGCT ATTTTTGAAG CAACACATGG TACAGCTCCA	3180
	AAATATGCAG GTTTAAATAA AGTGAATCCA TCTTCAGTAA TTTTAAGTTC TGTATTAATG	3240
	TTAGAACATT TAGGATGGCA AGAAGCGGCA GATAAGATTA CAGATTCAAT TGAAGATACA	3300
10	ATTGCTTCAA AAGTTGTTAC TTATGACTTT GCCCGTTTAA TGGaTGGtGC TGAAGAAGTT	3360
	TCTACATCAG CATTTGCAGA TGAATTGATT GnAAATTTAA AATAAGCAGA ATAGAATTAG	3420
15	G	3421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 338:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

	(A) LENGTH: 3173 base pairs
20	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 338:

	CCCTnGATAC CCAAAGTACC CTAATACCAC TGGCTAAACC TAATGGATAG TACCATTTAT	60
	TTTCCAATAA ATAAaCCAAC TGCAATnGCT ATaACTCTAA ATATAATAGA GATAATCmca	120
30	TTAATTGGAT TAAtACGCCA AATACTAGTA ATAATAGGCT AGATAATAAT CCACCTAAAA	180
	AGTACTTTTT AATTCCAAAG AAAGCTAATA TCAATAATGC TGCCGGTGCA GATAATTGAA	240
35	AATCTAATCC TGGTATAATG GACGGTATTT TCAAACTGC CAAAATGGTT AAAATCGCAG	300
	CAATGACACT AATTTGAGTA ATATCTTTTG ATGTCATACT AAAACCCCTA TACCGTTTCA	360
	TAAACAACTT GCTTCGGTGT GCTTTCTAAA AATGATATGT AATGATTTAA ATCAATACAA	420
40	TCGTCCACAA ATATTATTCT GCCTCCATAT CTCGTATTAA CTGGTTTAAAT ATCAAATAAT	480
	CGATGGTAAC CAATTTTAGC AGCGGCAAAA TAACCTGTCG TATACGTTAA GTCATCGGAC	540
	ACGCAAAGTT CTCCTTTGAC ATACGGATGC GCATTGATAC AACTAGCAAT TGCTAAGGCA	600
45	TCAGTCACTC TTTCAATTAAG ATCACCTTTA TTATTTATAT CTTCAAACGA AAAATGTGTT	660
	GCCCTAATCC CCCTTTGTCC AAATGAATCT AAACGTTTAC CAGATATAGC AGATAGAATA	720
	ATAGCTCCTG TATAAACCGT TTCATTTTAA ATATATGTCA TCCCTTGATT TAGCGCTTGT	780
60	TCAGTGACAC CACATTCTTG TGTTAAATGT TGGAGATTG CTTTATCATC CTCAATAATT	840
	TGTAATGCTT TTATTTGTTG AATCGGTTCC ATGATTTTTT GTATTTTTAT ATTGAGAAAA	900

## EP 0 786 519 A2

	ATTTTGTCAA	ACTCACAAAT	CGTTTCAGCA	CCACTAATAT	GAACATCTTG	ATTGCTAGAA	1020
	CGCATTTTTA	TACTATACAT	GACGATCACC	TcAATCTTCT	TGaTGCAAAA	TTTCAAACAA	1080
5	CCTATCTATA	TCTTGTTCAG	TATGAAAATA	CGACAATGAT	ATTCTTAACA	TTGGCTTAGT	1140
	CACAGTtGGA	TACCTTAAAT	AACTTGTAAG	CACATGATGC	TTTAATAATG	TTTGATGAAT	1200
	GTTCTCAGCC	GCTTCTATGT	CATCAAATC	AATAAACTTA	ATCGGCGAGT	TTGaACTATT	1260
10	ATAATkAACA	TTGAGTGCTT	TTAACTTTTG	GTAAAAATAT	TTACTCAAAC	TATTTAATTT	1320
	AGTGCGTCTA	TCATCAGCAT	TTATTAACTT	TTCAATGTTT	CTTTTATAA	AATACAAATT	1380
15	ATAAATTGGC	AAACTACTTG	AGTAGATGAG	TGGTCTACCG	TGATTAATTA	aCATATCctT	1440
	CaCATCaTTT	GaACTkaAAA	TcACACCCCC	GTATGCACCA	CATGCTTTAG	ATAAACTAGA	1500
	AGTGAGTATA	TCTACACCTT	GATAATTGGA	GTAAtTCTCT	ATtCCAAAAC	TATGTGAAAC	1560
20	ATCGAGTATC	AGTGTTGCGT	TAnATTtATG	CTTTAATGAG	ACTAATTGAC	CAATATCCAC	1620
	AACGTCGCCA	TTCGTTGAAA	ATACACTATC	AGATATGATT	ATTTTtGGTA	TATTTTGATT	1680
	AGGGTATTTT	TCTAACCTTT	TTTCTAAAAT	AGCAATATCT	AAATGCTTAT	ATATCACTTT	1740
25	TTCTAAACCA	CTTAACTTAA	TACCGTCAAT	AATACTCGCA	TGATTTTCTT	GATCTGAAAA	1800
	CACGACACAA	TTTGTATTTT	TGAAAATATT	AAATAACGCC	AAATTAGCAT	CATAACCACT	1860
	ATTTAAGATA	GTACATGcAC	TATATCCGAG	CCAACCTGCT	AACATTGTTT	CAATTTCTTC	1920
30	ATAAGCTGTC	GAACTTCCAC	TAATTAATCT	TGAACTTGAT	AAGTGATAAC	TATACTTCCG	1980
	CATAAATCTT	TCGAAATCAT	CCTTATCAAA	CGCTATTtGA	CCTAATCCTA	AATAATCATT	2040
35	AGATGTATAG	TTCGTACATC	TCTTATTTTC	TACTTCAATA	TACTGTCTAT	CTATATACCC	2100
	TACCGATTtTA	AGCGACCGAT	ATAACCCCTT	CTGTTGTAAT	AAATCAATTT	GCTCTTGAAA	2160
	CTTCATtCTT	GTTTTCCCTA	TTTTCACAAG	TGTCATAATC	AATTTCAAAG	CCTAAATCAT	2220
40	TAATCATATC	GTAGTCTAAT	TGGTTCGGTT	GCCCACCAGT	AATTAGATAA	TnCACCGACA	2280
	AATATTGAAT	TCGCCGCTTT	TAATGCTAAT	GGCTGTAAAC	AACGTAAGTT	GACCTCTCTT	2340
	CCTCCAGCAA	TACGAATTTT	TTTCGTAGGA	TTGATTAAAT	GGAATAATGC	TACGATTCTT	2400
45	AAACATTTCA	TTGGTGTtAA	ATCATCCATG	CTTCCAAACT	TTGTGCCTTT	GATTGGATGC	2460
	AAAAAATTAA	TCGGAATACT	GTCGGCATCC	ATTTCTTTTA	AAGCAAATGC	CATATCAACA	2520
	ATATCTTGAT	TAGATTCTCC	CATACCACAA	ATCACGCCAG	AACATGGTGA	TATATTATTC	2580
50	GCTTTCATTA	GTTCTATCGT	ATCTGTTCTA	TCTTTATAAC	TATGCGTTGT	CACGACGTTA	2640
	TCATGGTAAT	TTTCACTTGT	ATTAATATTG	TGGTTATATC	TGTCTACACC	AGCTGACTTA	2700

55



TGTGAGATT TAATCGTTCT TACAGTATTA CTAATATGAT CAACTTCTTT ATCGCTCGGT 2820  
 CCTCTACCAC TCATAACAAT ACAATATGTT CCAATATGAT TATCATGTGC CACCTTTGCT 2880  
 5 CCATCGATAA TTTGTTCTCTC TGGAATTAAA GCATATCGCT GTTTTTGTTT AATATCTCGT 2940  
 GATTGTCCAC AGTACCCACA ATTTTCAGGA CATATACCAC TTTTAGCATT TAAAATCATG 3000  
 10 TTTAATTTTA CTTTTTTTACC AAAATAATGT TTTCTTAAAA TGTACGCCTC ATTTAATAAA 3060  
 TCTAAGGTAT CAATATTAGT ATCCTCATAA ATtTTCAATA CAGTCTCTTT TGTtAATTGT 3120  
 tCCCCTTGTA ATATGCGTTT AGCCAAATTC ATATTAACAC TTCCTATCTA AAA 3173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 339:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1694 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 339:

25 CGATTATCCA TTAATACAAC CCTAAGTAAA TGTATAAAAA TTATCTTCCA CAAACTTCAA 60  
 CAAAAGCCTA AATAAATTAC AGCAATTTAT CAAATATTGC TTACTTTGAT TTTATGAAAT 120  
 nACTTAATTC TAACACATAC TAAATCATCA TATACTAATT CGAAATCAAA TGCATTTAGA 180  
 30 GATAATCaAA ATGCGGAAAC ATCTCCaATA ATCAATAATC TATTCcCAAT AAATATGAAT 240  
 GTTCTCAACA ATACATTATT TATATCTCTT TACACTGTCA TCGACAAAAA CTAAATCTTT 300  
 35 CACTTTCAAT TTCGAACGTG GTTCTACGAC ATTTGCTGCT ATATCATTTA ATGGGATTAA 360  
 AACAAATGCA CGTTCATTCA TTCTCGGATG TGGCACCGAC AGTTTTGGTA AATCTATCAT 420  
 TTCTTCTCCA TACAACAAAA TATCCACATC TAAAGTTCTA GGACCCCATC GTTCCTTTCT 480  
 40 AATACGGTGT AAACATTCTT CTGTCKTCAA ACAACATTCC AACAGTTGTA ATACTGTGAG 540  
 TGTTGTTTTsA ATTTCAACAC ACAAATTTAA AAAGTTAGGT TGCTCAGTAT ACCCAACTGG 600  
 TGCTGTTTCA TAAATCGGAG AAATAtTAGA TACGTTAATA CCATCATATT CATTCaAAAT 660  
 45 CTTyATAGCA TCGTTTAACt GGCTTTCTCT ATCACCaaTa TTACTACCTA AycCTAAGTA 720  
 TGCTTGAATC ATyTATTCTC CCTCACTATT TCGATACCTA CTCCATCATA ATGACCCGGA 780  
 ATCGGTGGGT TTTCTTTAGT GATTCTCACT TTCGTTTCCA TTACACGATT ATATTGTGAA 840  
 50 TTTATACGAT TTGCAATACG TTCAGCTAGA TGCTCAAGTA AATTAACGGC CTTACCTTCC 900  
 ATAATTGATT TAACCTCTTc GAACACTTCA CCATAATGAA CTGTATCAAT AACATTATCA 960

ATTCATTTT CAGCTGATAA AGCACCATGA TATCCATAAA AGCGCATACC TTTAAGAAAG 1080  
 ATTGTGTCTT GCATTTTCAT TCTCCTTTAA AAAATCTATA CCTTTAGCTA ATTTAGCATT 1140  
 5 CAACTCGACA TTATGAACGC GTACTGCTCT AACGCCTTTC ATAATACCAT ATGCAGTCGT 1200  
 AGCTGCAGTT ACTTCATCTC TTTCAACCGG TGTGTATCA TAACCCATCA TCTCTTTAGT 1260  
 GAAACGTTTC CGGCTTGTCG CTAATAAAAC TGGATATTCT GTTGCAACAA GTTCATCCAG 1320  
 10 TCTTGCCATA ACTTCGGCTT CTTCAATTTCT AGTTTTAGCG AAACCTATAC CTGGATCTAG 1380  
 CCAAATTTTA TTGAAGGTA TACCAGCTAT TTTAGCTTGA TGTGCTTGTG CTAACAAAGA 1440  
 TGTTAACATT TCTTCGACAA CCGGTTTCATC ACGATTACCA TTTCCATTAT GCATTAAAAT 1500  
 15 AATTTCCGCG TCATATTTAG CTACAATTTG GAACATACGA TGATCATACA GACCgCCcAT 1560  
 tGATCATTAA TCATATCAAC GGCTAATTTT AAACATGCTT CAGCAACCTC ACTTCGAAAT 1620  
 20 GTATCGACTG AAATTTTTTA CATCAaAACC GACAATAGCT TCAnCAACAG TAATACTCTG 1680  
 TTCCATCTCT TCTG 1694

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 340:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1358 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 30

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 340:

35 AGCATTTCTT TTCTATAAAC ATTTAATTGA ACATTATTAA GTACACTATT ACTATAGTCA 60  
 CTATATTGAA CaCATACCTC ATTTAATTCT AATAGCGGTT CAGATTGTA CTTATTATCA 120  
 TTATTTGCAG ATGTTTCATC TATCCATTTT TTCACTTTAA ATTTAACATG TTCACTCATA 180  
 40 CAAACGTCAC GTAAATTGCG TAAGTTATCA ATGGATTCGA CATCTACTTC TGCATATTTA 240  
 AGCGCTGTAC AGTATAATGG TTCACGTATG CCTGCTTCTT TAAGCTTAGA TGATTTTAGC 300  
 AAATCACTAG GCGTTGTATT AGCGATGATT TTTCCATCTT TAAAAAGAAG AACTCTATCA 360  
 45 AACGTATCAT CTAATGATTC TTCTAATCGA TGTTGACAA TAATCATCGT TGACTTTGTT 420  
 TCTTCATGAA TATTGTTTAA CAATCTCAGC GTTTCATGTC CTGTCGCAGG ATCTAAATTG 480  
 GCCAGTGGCT CATCCAATAT TAAAATAGGC GTACGATGGA TTAATATACC ACCTAATGAA 540  
 50 ACGCGTTGTT TTTGACCTCC AGATAAATCT TGCGGTCGGT GATTTAAATG TTCTATCATG 600  
 CCAACTTTTT CAGCCCAATA ACTTACATTT TTCTTCATAT CATCTTGTTT AACACAATTA 660

55

TCTTGTA AAA CTGTACCAAC AACATTAGAT CTATCATGTA AACAACTAAC GGTGTCATCT 780  
 TGATTATTTA TATATAGTTC CCCAGTTATG TTACCTTTAG TTTTAAATGG AATTAATCCG 840  
 5 TTTATGCAAT TTGCAAAAGT CGATTTACCA CTACCCGAAG CACCAACTAC TAATACTTTT 900  
 TCTCCTGGAT AAATATCAAC ATTTATATTC TGTAATGTAG GTGTTGCTTG ACTATGATAT 960  
 10 TGAAACTAA AGTCTTTGAA CGAGATAATT GGTTCAGTCA TGATATATCA TTACCTTTCT 1020  
 ATATTCAATT ACATATCTGA TTCAACAAAA TAACTATTCC TTACGTAAAC TACCTTTTTT 1080  
 AATTTGAGAT GAaGCATATG CTTTTAATAA TATTGTCCCA ATAATGCCAA CTGAAATAAT 1140  
 15 ATTTAATACT GCAGAGATAA CACCTTGTGT ATAAACCTTG TTAGCTGGTT CGTTATAAAT 1200  
 CAAAATATCT AATGTTGGTG CAATAAGTGC CCAGCAAATA ATATTGCAA TAATTTGACC 1260  
 GATATTAAAA TAAACCATCG ATTTCTAGA AAATCGGCCT GAAGAAAGAT TTAATTTTAG 1320  
 20 TCCAATCCAG CCATATAAAC AGCCTATAAT TCCCAGAG 1358

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 341:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 4557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 341:

TAGAAGAATT GGAGAAAATG CTAATTCAAT TGTCAACATT CCATAGTTAT CATGATTTAG 60  
 35 AGTTTCTATT TGTGACACGT GAAGATGAAG TTGAACATT GAAATGGGCA CGTTGGTTGC 120  
 CACATATGAC ATTGAGAGGG CAAAACATTA GAGGATTTGT TTACAATCAA CGAACGCGTG 180  
 ACCAAATTTT AACGTCAATT TATAGCATGA TTAAAGAACG TATCCAAGCT GTGCTGaACG 240  
 40 CAGCAGAAGT AATGAGCAAA TTATTTTCAC ACCGCAATTA GTGTTTGTCA TTACAGATAT 300  
 GTCATTAATT ATTGATCATG TCATTTTAGA ATATGTAAAC CAAGATTTAT CAGAATATGG 360  
 TATTTCATTA ATCTTTGTTG AAGATGtGAT TGaAAGTTTG CCAGAGCATG TAGATACCAT 420  
 45 TATTGATATC AAGTCTCGTA CTGAAGGCGA ACTGATTACG AAAGAAAAAG AATTAGTTCA 480  
 ATTGAAATTT ACACCTGAAA ATATTGrTAA CGTCGATAAA GAATATATCG CGCGACGTTT 540  
 GGCgaATTTG ATACACGTCG AACATTTGAA AAATGCAATT CCTGATAGTA TTACATTTTT 600  
 50 AGAGATGTAT AACGTGAAAG AAGTAGATCA GCTTGATGTG GTTAATCGAT GGAGACAAAA 660  
 CGAAACATAC AAAACGATGG CAGTACCTT AGGTGTAAaA GGTAAAGATG ATATTTTATC 720

55

	AGGGAAATCT GAGATTATCC AATCATACAT TTTATCTTTA GCTATTAATT TTCACCCCTCA	840
	TGAAGTTGCA TTCCTATTGA TTGACTATAA AGGTGGGGGT ATGGCGAACT TATTTAAAGA	900
5	TTTAGTCCAT TTAGTTGGTA CGATTACAAA CTTAGATGGC GATGAAGCGA TGCGTGCCTT	960
	AACATCAATC AAAGCCGAAT TGAGAAAACG TCAACGTTTA TTCGGAGAGC ATGATGTTAA	1020
10	CCATATTAAT CAATACCATA AGTTATTTAA AGAAGGTATT GCGACAGAAC CAATGCCACA	1080
	TTTATTCATT ATTTCCGATG AGTTTGCCGA ATTAAAATCA GAACAACCTG ATTTTATGAA	1140
	AGAACTTGTA TCAACGGCAC GTATTGGACG TTCGTTAGGT ATTCATTTAA TACTTGCGAC	1200
15	ACAAAAACCA TCGGGTGTG TTGATGACCA AATTTGGTCT AACTCTAAAT TTAAGTTGGC	1260
	ATTAAAAGTA CAAGATAGAC AAGACAGTAA TGAAATTTTA AAAACACCAG ATGCAGCAGA	1320
	CATTACmTTA CCaGgTCGTG CGTATTTACA AGTTGGTAaT AATGAmATTT ATGAATTATt	1380
20	CCAATCTGCA TGGAGTGGTG CAACATATGA CATCGAAGGC GATAAATTAG AAGTTGAAGA	1440
	TAAGACGATT TACATGATTA ATGACTATGG TCAACTTCAA GCAATCAACA AAGACTTGAG	1500
	TGGACTTGAA GATGAAGAAA CGAAAGAAAA TCAAAGTGAAG TTAGAAGCGG TCATAGATCA	1560
25	TATCGAATCT ATTACAACAC GATTAGAAAT CGAAGAAGTT AAGCGTCCAT GGCTACCACC	1620
	ATTGCCAGAA AATGTATATC ArGAAGATTT AGTAGAAACa GATTTcAGAA AATTATGGTC	1680
	AGATGATGCA AAAGAAGTGG AATTAACATT AGGACTTAAA GACGTACCAG AAGAACAATA	1740
30	TCAAGGACCG ATGGTATTGC AATTGAAAAA AGCTGGGCAC ATCGCGTTAA TCGGAAGTCC	1800
	AGGATATGGT AGAACAACGT TCTTACACAA CATTATTTTC GATGTTGCAA GACACCATCG	1860
35	TCCTGATCAA GCACACATGT ACTTGTTTGA TTTCCGTACC AATGGTTTGA TGCCAGTTAC	1920
	AGACATACCA CATGTCGCTG ATTACTTTAC AGTAGATCAA GAAGACAAGA TTGCTAAGGC	1980
	GATACGTATA TTTAATGATG AAATTGATCG TCGTAAGAAG ATTTTAAGTC AGTATCGTGT	2040
40	CACTAGTATT TCTGAATATC GAAAATTAAC TGGTGAAACA ATTCCGCATG TCTTTATTCT	2100
	TATTGATAAC TTTGACGCAG TAAAAGATTC ACCTTTCCAA GAAGTTTTTG AAAATATGAT	2160
	GATTAAAATG ACGCGTGAAG GGCTAGCATT AGACATGCAA GTAACCTTAA CTGCTTCAAG	2220
45	AGCTAACGCT ATGAAAACAC CAATGTACAT TAATATGAAA ACGCGTATCG CAATGTTTTT	2280
	ATATGATAAA TCAGAGGTGT CGAACGTAGT AGGACAGCAA AAATTTGCGG TTAAAGATGT	2340
	TGTGGGTCGA GCATTGTTAA GTAGTGATGA CAACGTATCA TTCCATATTG GCCAACCATT	2400
50	TAAACATGAT GAGACCAAAT CATATAATGA TCAAATTAAT GATGAAGTAT CGGCGATGAC	2460
	AGAATTTTAT AAAGGTGAAC ACCAAATGAT ATtCCTATGA TGCCAGATGA AATTAAATAT	2520

55

## EP 0 786 519 A2

	GGATTAGATT ATGAAGGTGT TACACTACAA AAAATTAAAT TAACTGAACC AGCAATGATT	2640
	TCATCAGAAA ATCCGAGAGA AATTGCGCAT ATTGCTGAAA TTATGATGAA AGAAATTGAC	2700
5	ATATTAAATG AAAAATATGC GATTTGTATC GCAGACTCAA GTGGAGAGTT TAAAGCTTAT	2760
	AGGCATCAAG TGGCTAACTT TGCCGAAGAA AGAGAAGACA TTAAAGCGAT TCATCAACTA	2820
	ATGATTGAAG ACTTAAAGCA AAGAGAAATG GACGGCCCAT TTGAAAAAGA TTCACTTTAT	2880
10	ATTATCAATG ATTTTAAAC ATTTATTGAT TGCACGTATA TTCCGGAAGA TGATGTTAAA	2940
	AAGCTTATTA CAAAAGGACC AGAACTTGGC TTGAACATTT TATTTGTCGG CATTCAATAA	3000
	GAATTAALAG ATGCTTATGA TAAACAGATT GATGTTGCAC GTAAAATGAT TAACCAATTT	3060
15	AGTATAGGTA TTCGTATTTT AGACCAACAA TTCTTTAAAT TTAGATTTAT TCAACGAGAA	3120
	CCTGTTATTA AAGAAAATGA AGCATATATG GTCGCAAACC AAGCTTATCA AAAGATTAGA	3180
20	TGGTTTAAAT AGCAATGAAT TAAATAGGAG GGAGGTATGT TATGAATTTT AATGATATTG	3240
	AAACAATGGT TAAGTCGAAA TTTAAAGATA TTA AAAAGCA TGCTGAAGAG ATTGCGCATG	3300
	AAATTGAAGT TCGTTCTGGA TATTTAAGAA AAGCTGAACA ATATAAGCGA TTAGAATTTA	3360
25	ATTTGAGTTT TGCAC TAGAT GATATTGAAA GCACAGCAA GGACGTACAA ACTGCAAAAT	3420
	CTAGTGCTAA TAAGGACAGT GTAAC TGTTA AGGGAAAGGC GCCCAATACG TTATATATTG	3480
	AAAAAAGAAA TTTGATGAAA CAAAAGCTTG AAATGTTGGG TGAAGATATC GATAAAAATA	3540
30	AAGAATCCCT CAAAAAGCT AAGGAAATTG CTGGCGAAAA GGCAAGTGAA TATTTTAATA	3600
	AAGCAATGAA TTAATATTGA GGTGAAGATA TGGGTGGATA TAAAGGTATT AAAGCAGATG	3660
	GTGGCAAGGT TGATCAAGCG AAACAATTAG CGGCAAAAAC AGCTAAAGAT ATTGAAGCAT	3720
35	GTCAAAAGCA AACGCAACAG CTCGCTGAGT ATATCGAAGG TAGTGATTGG GAAGGACAGT	3780
	TCGCCAATAA GGTGAAAGAT GTGTTACTCA TTATGGCAAA GTTTCAGAA GAATTAGTAC	3840
40	AACCGATGGC TGACCATCAA AAAGCAATTG ATAAC TTAAG TCAAAATCTA GCGAAATACG	3900
	ATACATTATC AATTAAGCAA GGGCTTGATA GGGTGAACCC ATGATGAAAG ATGTTAAGCG	3960
	AATAGATTAT TTTTCTTACG AAGAATTAAC AATTTTAGGT GGTAGTAAAT TGCCTCTCGT	4020
45	AAATTTTGAA TTGTTTGATC CATCAAATTT TGAAGAAGCT AAAGCTGCTT TAATTGAAAA	4080
	GGAATTAGTA ACAGAGAATG ACAAGTTAAC TGATGCAGGT TTTAAAGTGG CTACATTAGT	4140
	CAGAGAGTAT ATTAGCGCCA TTGTAAATAT TCGAATTAAT GATATGTATT TTGCACCATT	4200
50	TAGCTATGAA AAAGATGAAT ATATTTTGTT AAGCCGGTTT AAAAATAATG GGTTCAAAT	4260
	ACGAATTATC AATAAAGACA TTGCATGGTG GTCGATTGTA CAATCATATC CTTTATTGAT	4320

55

CTTAAATAAT GAAAGTATCG ATACGATTGG GCGTGTTTTA GAAATTGAAA TATACAATCA 4440  
TCAAGGTGAC CCTCAACAAA GTTTATATAA CATTTATGAA CAAAATGATT TGTATTTCAT 4500  
5 TCGATACCCA TTAAAAGATA AAGTGCTGAA TGTTTCATATT GGTGTCATTA ATACATT 4557

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 342:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3931 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 342:

TTGAGTGACT TTATTGAAGC GCGTGTAGAA GAAATATTCT TCGAAGTATT TGATGTTTTA 60  
20 CAAGATTTAG GATTAACAAA AGTAAATGGT GGGTTTATTG TAACTGGTGG ATCTGCAAAC 120  
TTACTTGCGC TAAAAGAATT ATTATCAGAT ATGGTAAGTG AAAAAGTTAG AATTCACACG 180  
CCATCACAAA TGGGAATTAG AAAACCTGAA TTTTCTTCAG CAATTTCTAC AATTTCTAGT 240  
25 AGTATCGCTT TTGATGAGTT ATTAGATTAT GTTACAATTA ATTATCATGa TAATGAAGAA 300  
ACTGAAGAAG ATGTTATTGA TGTGAAAGAC AAAGATAACG AATCTAAATT AGGCGGaTTT 360  
GaTTGGTTTTA AACGTAAAAC AAACAAAAAA GATACTCATG aAAATGAAGT AGAGTCAACA 420  
30 GATGAAGAAA TTTATCAATC AGAAGATAAT CATCAGGAAC ATAAACAGAA TCATGaACAT 480  
GTTCAAGACA AAGATAAAGA TAAAGAAGAA AGTAAATTCA AAAAATAAT GAAATCTCTA 540  
35 TTTGAATGAT TATTGGCCAA TAAAACTAGG AGGAAATTTA AATGTTAGAA TTTGAACAAG 600  
GATTTAATCA TTTAGCGACT TTAAAGGTCA TTGGTGTAGG TGGTGGCGGT AACACGCCG 660  
TAAACCGAAT GATTGACCAC GGAATGAATA ATGTTGAATT TATCGCTATC AACACAGACG 720  
40 GTCAAGCTTT AAACCTATCT AAAGCTGAAT CTAAAATCCA AATCGGTGAA AAATTAACAC 780  
GTGGTTTAGG AGCAGGAGCT AATCCTGAAA TCGGTAAAAA AGCTGCAGAG GAATCTCGTG 840  
AACAAATTGA AGATGCAATC CAAGGTGCAG ACATGGTATT TGTACTTCT GGTATGGGTG 900  
45 GCGGAAGTGG TACTGGTGCA GCACCAGTCG TTGCTAAAT TGCAAAAGAA ATGGGCGCAT 960  
TAACTGTTGG TGTGTAACT CGTCCATTTA GTTTTGAAGG ACGTAAACGT CAAACTCAAG 1020  
CTGCTGCTGG AGTAGAAGCT ATGAAAGCTG CAGTAGATAC ATTAATCGTT ATACCAAATG 1080  
50 ACCGTTTATT AGATATCGTT GACAAATCTA CGCCAATGAT GGAAGCATTT AAAGAAGCTG 1140  
ACAACGTGTT ACGCCAAGGT GTACAAGGTA TCTCAGACTT AATCGCTGTT TCTGGTGAAG 1200

## EP 0 786 519 A2

	GTATTGGTGT TTCTTCTGGT GAAAATAGAG CGGTAGAAGC TGCTAAAAAA GCAATCTCTT	1320
	CTCCATTACT TGAAACATCT ATCGTTGGTG CACAAGGTGT GCTTATGAAT ATTACTGGTG	1380
5	GCGAGTCATT GTCATTATTT GAAGCACAAG AGGCTGCTGA TATTGTCCAA GATGCTGCAG	1440
	ATGAAGACGT TAATATGATT TTCGGTACAG TTATTAATCC TGAATTACAA GATGAGATTG	1500
	TTGTAACAGT TATTGCAACT GGTTTTGATG ACAAACCAAC ATCACATGGT CGTAAATCTG	1560
10	GTAGCACTGG ATTCGGAACA AGCGTAAATA CTTCTAGCAA TGCAACTTCT AAAGATGAAT	1620
	CATTCACTTC AAATTCATCA AATGCACAAG CAACTGATAG TGTAAGTGAA AGAACACATA	1680
	CAACTAAAGA AGATGATATT CCTAGCTTCA TTAGAAATAG AGAAGAAAGA CGTTCAAGAA	1740
15	GAACAAGACG TTAATCGGTT AATATATATA CACAAATAAT TCAACACAAA TCATCAGATA	1800
	ACATATCTGA TGATTTTTTT ACTAATTTTT AGAACATGTA GAAGGACATT TAAGTTTTTC	1860
20	aAAGTTATTA AAAGTGTTTA AGTATCGTGT GAAAATTAAG TCaAAAATTA TTTGCGCAAC	1920
	ATTTTAACTT TAAACATAAA TGTTATATTA TATAATTATT AACTTTGTAC AGTTAGACGA	1980
	AGATAATTTA AATGAAATGA TGGTGACGAT CGAGTGAATG ATAATTTTAA AAAGCAACCG	2040
25	CATCATTTAA TATATGAAGA GTTATTACAA CAAGGTATTA CTCTAGGTAT TACAACTAGA	2100
	GGAGATGGTT TAAGTACTA TCCTAAAAAT GCTTTTAATA TGGCGAGATA TATTGATGAT	2160
	CGCCCATATA ATATTACTCA ACATCAATTG CAATTAGCTG AAGAAATTGC GTTTGATAGA	2220
30	AAAAATTGGG TGTTTCCCAT TCAAACACAT GAAAATAAAG TCGCTTGAT TACAAAGGAT	2280
	GATATAGGCA CAAATATAGA CACTTTAACT GATGCGCTTC ATGGTATTGA TGCGATGTAC	2340
	ACATATGATA GTAATGTCTT ATTAACGATG TGTTATGCAG ACTGTGTACC AGTATATTTT	2400
35	TATAGTACAA AACATCATTT TATTGCATTG GCGCATGCAG GTTGGCGTGG TACCTATACT	2460
	GAAATTGTAA AAGAAGTGCT AAAACATGTG AACTTTGATT TGAAAGACTT ACATGTCGTT	2520
40	ATTGGACCAT CTACATCATC AAGTTATGAA ATTAATGATG ATATTAAAA TAAATTTGAA	2580
	ACATTGCCAA TTGATAGTGC CAACTATATT GAAACTAGAG GACGAGATCG TCATGGTATT	2640
	GATTTGAAAA AAGCCAATGC TGCATTATTA ATTTATTATG GTGTTCTTAA AGAAAATATT	2700
45	TATACGACAG CGTATGCTAC ATCTGAACAT TTAGAATTAT TTTTCTCTTA TCGATTAGAA	2760
	AAAGGTCAAA CAGGACGCAT GTTAGCATTC ATTGGTCAAC AGTAAACAAG GAGGAGATAT	2820
	GTTTGCCTGT GAAAGATAAT TTACAACAAA TCTCAACACA AATTAATGAC AAAAGTGAAA	2880
50	AAAATAATTT TTCAACAAAA CCAAACGTGA TTGCAGTTAC AAAATATGTT ACAATAGAGC	2940
	GAGCTAAAGA AGCGTATGAG GCTGGAATAA GACATTTTGG TGAGAATAGA TTGGAAGGCT	3000

55

AATCTCGAAA AGTTAAGGAC GTTATAAACG ACGTAGATTA TTTCCATGCT TTAGATCGAT 3120  
 TGAGCTTAGC CAAAGAAATT AACAAACGTG CAGAACATAA AATTAAATGT TTCTTGCAAG 3180  
 5 TGAACGTTTC GGGAGAAGCT TCTAAACATG GTATTGCTTT AGAAGATGTT GATCAGTTTA 3240  
 TAGATGATCT TAAAAAATAT GACAAAATCG AAATTGTAGG TTTAATGACG ATGGCACCAT 3300  
 TGACAGATGA TGAAGCATAT ATTAGATCGT TATTTAAACA GTTACGTTTG AAAAAAGAAG 3360  
 10 AAATACAACG ACTCAATTTA GAATATGCGC CTTGTGATGA ATTATCAATG GGAATGAGTA 3420  
 ATGACTATCT TATTGCAGTT GAAGAAGGTG CGACGTTTGT TAGAATTGGG ACTAAACTTG 3480  
 15 TAGGAGAAGA GGAGTGAGCC ACTTGGCTTT AAAAGATTTA TTTAGTGGAT TTTTGTAAAT 3540  
 AGATGATGAA GAGGAAGTAG AAGTACCTGA CAAACAACAA CAGGTAAATG AAGCGCCAGC 3600  
 AAAAGAGCAG TCACAACAAA CAACAAAACA AAACGCAATC AAATCAGTCC CTCAAAAATC 3660  
 20 TGCATCAAGA TATACAACAA CGTCAGAAGA AAGGAATAAC CGTATGTCTA ATTATTCAAA 3720  
 AAATAATTCA CGTAATGTTG TAACTATGAA CAATGCTACA CCAAACAATG CATCACAAGA 3780  
 AAGTTCAAAA ATGTGTTTAT TCGAACCACG TGTTTTTTCA GATACACAAG ATATTGCTGA 3840  
 25 TGAGCTTAAA AACCGCCGTG CGACACTTGT CAATTTACAA CGTATTGATA AAGTATCAGC 3900  
 GAAAAGAATT ATTGATTTTT TAAGCGGTAC T 3931

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3150 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

AATTGTCGGG GGA CTCTTAG GTTTGTGCAT GCAAAGAACA AGATTTTGTT TAACAGGTGG 60  
 40 CTTTCGAGAT ATGTATGTGC AAAAGAATAA TAAGATGTTT TATGCATTAT TAATCGCTAT 120  
 TACTATTCAA AGTATAGGAT TATTGATTTT GACGGCAACA GATATTTTAC AAATTCCTGC 180  
 45 ACATAGTTTT CCAATATTGG GAACAATTAT AGGTTCTTTT ATTTTGGAA TTGGAATAGT 240  
 ATTGGCTGGA GGATGTGCAA CAGGtACTTG GTATCGCGCT GGTGAAGGGC TAATTGGTAG 300  
 TTGGATTGCA TTAGTATTAT ATGCTGTTAC TGCAGCAATC ACTAAAACAG GGATTTTAAA 360  
 50 GCCAGTAATG GATAAAATTA ATCAACCAAC GAATGTAAAT AGTGATATGT CTCAAACAAC 420  
 TGGCATTCCG TTTTGGGGAT TAGTCGTTAT ATTAACTATA ATCACCATT TTTAGTTGT 480



## EP 0 786 519 A2

	AGGTATTAGA TATTACCTTT TCGAAAAACG ATACCATCCA TTTATTGCAG CAATTGTAAT	600
	TGGACTTATC GCACTCTTAG CTGGCCAAT GAGTGCATCA ACTGGAAGAA ATGACGGTTT	660
5	AGGTATAACA ACGCCTTCAG CAAATTTAGT ACACTTTTGT ATTACAGGTG AAATAAATT	720
	TATTGATTGG GGTGCTCTTT TAGTTCTAGG AATTTTCATT GGTTCATATA TTGCAGCTAG	780
	AGGATCAAGA GAATTTAAAT GGCGATTGCC AGACAAGATT ACAATACGAA ACAGTGCCAT	840
10	TGGTGGCATA TGTATGGGAT TTGGTGCCTC AGTTGCTGGT GGTGTCTCTA TCGGTAACGG	900
	TTTGGTTGAA ACGGCAACGA TGAATTGGCA AGGATGGATT GCGCTAGCAT GCGATGATAG	960
	TTGGTGTATG GACAATGAGT CATTTTATCT TTGTTCTGTC AATGAAAAAA GTACACCAAC	1020
15	AATCTGCAAA GGTTAAACAG CAAACGCAAA TAGTATAGAA GATTATTATG CAAATGATGT	1080
	TGATCAAATA AAAGTGATTG GAAAAGGAGA AATAATTATG ATACACGAAT TAGGTACAGT	1140
20	AGGAATGGTA TGTCCATTTT CGTTAATTGA AGCGCAAAAG AAAATGGCAA CATTGCAATC	1200
	TGGAGATGAA TTAAAAATTG ATTTTGATTG CACGCAAGCG ACGGAAGCCA TTCCAAATTG	1260
	GGCTGCAGAA AATGGTTATC CTGTAACAAA CTATGAACAA ATTGATAATG CTTCATGGAC	1320
25	AATTACAATT CAAAAAGTTT AACGTTATCA TTTTAACAAT AAAATAGATA TTAGATTCTA	1380
	TGGCTACTTC CGCTAATTTA AAAGTGAGTA AGTAGTCTTT TTTTTTTTAG TTCATGAAAT	1440
	CATTTTTATA TAGTGTGGCA CATTTTATTC CAAAAGATGT AATAAACTT AACGCATTTT	1500
30	TGCTTTTTAT AAATTGTCAG ATTATTATGA AAAAAAGGGA GTGGTAAGTA TGAATCTTAA	1560
	CGATACGATA TTTATGTTTT TGTGTACATT ATTAGTTTGG TTAATGACAC CAGGATTAAG	1620
	TTTATTTTAT GGTGGGTTAG TTCAATCTAA AAATGCGCTT AATACTGTCA TGCAAAGTAT	1680
35	GGCAGCAATT GTGCTTGTTA CATTTGTATG GATAACAGTT GGTTTTACAA TTAGTTTGG	1740
	GAATGGGAAT TTATGGTTCG GAAATTGGGA ATATACTTTT CTTAATCATG TAGGTTTTGC	1800
40	GACTCAAGAA GATATTAGCC CACATATTCC TTTCGCTTTG TTTATGTTAT TTCAAATGAT	1860
	GTTTTGTACG ATTGCAATTT CTATTTTATC TGGTTCAATC GCTGAGAAAA TGAAGTTTAT	1920
	TCCTTATTTA TTATTCGTAG TAATATGGAC TGCTCTTGTA TACAGTCCAG TAGCACATTG	1980
45	GGTTTGGGGC GGCGGTTGGA TTAACAAACT CGGTGTATTA GATTCGCTG GAGGTACGGT	2040
	TGTTCATATT ACATCAGGTG TTTCTGGTTT AGTATTAGCT ATTATGATTG GAAAAGGAAA	2100
	CAAACATTCT GAATCAACAC CACATAATCT TATCATACG TTGA1TGGCG GTATATTCGT	2160
50	GTGGATTGGT TGGTATGGAT TTAATGTAGG TAGTGCTTTT ACATTTGATA ATATTGCGAT	2220
	GCTTGCA1TT ACAAATACTG TCATTTTCAGC CAGTGCAGGT GCTATAGGTT GGTTAATTTT	2280

55

5      ATTAGTTGTC ATTACTCCTG CAGCAGGATA TGTAAACATAT CTTAGTGCAA CAATAATGGC      2400  
       TTTAATAGGA GGTATCTGTT GTTATATTGT CATTAATTAC ATCAAGGTAA AACTAAAATA      2460  
       TCATGATGCA TTAGATGCAT TTGGTATTCA TGGTGTGGT GGTATTATTG GTGCTGTTTT      2520  
       AACAGCAGTT TTCCAAAGTA AAAAAGCCAA TCCTGACATT GAGAATGGCT TTATTTTATAC      2580  
 10      TGGTGACATA CATATTATAC TTGTACAAAT ATTATGTGTA ACAGCAGTTG TAATTTTTTAG      2640  
       TATAGTCATG ACGTTTATTA TTGCGAAAGT AATTAAATTa ATTACACCAT TATCTGTTAC      2700  
       GGAACAAGAA ACGAATATAG GATTAGACAA GATTGTTCaC GGTGAACATG CTTACTTTGA      2760  
 15      AGGTGAGCTA AATAGATTCA ATAAACATAT TCGATATTAG AATATATTTA CATAGAATAT      2820  
       TCATTGTCCT GACATTTAAC TAAAGGTTGA TGTGGGACA TTTTGTTATA CAAAAGTTTT      2880  
       ATTTTGAAAT CTTTTTATGA AAGAAGCAGA AATATTATTT AAAGCGGTTA CACATATGCT      2940  
 20      AAAATAAGGC TAAGTGTCAC AAATAATGAT AGGTGAATAA GTATGAAAAA TATATCTGAT      3000  
       ATTGCCAAAT TGGCAGGCGT TTCAAAAAGT ACGATATCTA GATTTTTTAA TAATGGATCT      3060  
       GTCAGTAAAA AAACAAGTGA AAAATTAACA AGAATTATAG CAGAACATGA CTATCAACCG      3120  
 25      AATCAATTG CTCAAAGTTT AAGAGCGAGA      3150

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 344:

- 30      (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
           (A) LENGTH: 3719 base pairs  
           (B) TYPE: nucleic acid  
           (C) STRANDEDNESS: double  
           (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 344:

35      GTTATAGTGA AATTGACTCA TCACATTTCA CAGACCGTGA CAAACGCGTT ATTAGACGTG      60  
 40      ATCATGTTAA AGAAGCACAA AGCTTAGTAG AGAACTATAA AGATACACAA AGTGCTGATG      120  
       CTAGGATGAA AGCCAAACAA AAAGTTAACA CATTAGCAA ACCGCATCAA AACTATTTCA      180  
       ATAAACAAAT TGATAAGGTT TATAATGGAT TACAACGCTA ATCCAAAGTA AATTATAAGT      240  
 45      TATACATCTC GTTTTTAAAT GACAATTTAT CCCCCTAAAT ATTATAAATA ATCTTTTCAA      300  
       ATTCCACATA GATATAGAGA CACTAATAAA CCTCTTTGTC TCGATATGAT AGTCTGCAAC      360  
       GATTCATGTT GTAGGCTTTT TAATTTTACA AATAAGGCTA AATATATAAG TTCTGGCACC      420  
 50      TAAATATAG AAAATACATA AAAGTAAGTA TAGTTATTTT ATTATAATTA TTAAATTTTT      480  
       ATTAATTAAT TGTAATAATG TATAATTATA ATTAATTAAC GTTTAATATT AAAATTAAC      540

	ATCGTTTCAA TATTACTTAT AGGGATGGCT ATCAGTAATG TTTCGAAAGG GCAATACGCA	660
	AAGAGGTTTT TCTATTTTCGC TACTAGTTGT TTAGTGTTAa CTTTAGTTGT AGTTTCAAGT	720
5	CTAAGTAGCT CAGCAAATGC ATCACAAACA GATAATGGCG TAAATAGAAG TGGTTCTGAA	780
	GATCCAACAG TATATAGTGC AcTTnCAACT AAAAAATTAC ATAAAGAACC TCGGACATTA	840
10	ATTAAAGCGA TTGATGGTGA TACGGTTAA TTAATGTACA AAGGTCAACC AATGACATTC	900
	AGACTATTAT TGGTTGATAC ACCTGAAACA AAGCATCCTA AAAAAGGTGT AGAGAAATAT	960
	GGTCCTGAAG CAAGTGCATT TACGAAAAAA ATGGTAGAAA ATGCAAAGAA AATTGAAGTC	1020
15	GAGTTTGACA AAGGTCAAAG AACTGATAAA TATGGACGTG GCTTAGCGTA TATTTATGCT	1080
	GATGGAAAAA TGGTAAACGA AGCTTTAGTT CGTCAAGGCT TGGCTAAAGT TGCTTATGTT	1140
	TATAAACCTA ACAATACACA TGAACAACTT TTAAGAAAAA GTGAAGCACA AGCAAAAAAA	1200
20	GAGAAATTAA ATATTTGGAG CGAAGACAAC GCTGATTCAG GTCAATAATG CTCATTGTAA	1260
	AAGTGTCACT GCTGCTAGTG GCACTTTTAT AATTTTTAGA TCACGATATG ATTTATTATC	1320
	AATTCAGAAT TAAAAAAGTA AATAGTATCA AAAGTAAGTG TATTTAATAT TAGAAAAATA	1380
25	AAATTTTAAA TTTAGTATTA AAATGGAATG TTAATATATA GTTCAATGTG TATTATCACA	1440
	GAAAAATAAAA TAATGCTTTA CTTCTATATT TAAAAGTGTA TAATGAAAGT TAAGTAATAA	1500
	AGAGCGTGAA GAAAAATGTG AGTTATTTAT ATAGAATATT CTCCTTTTCA TTTATGAATT	1560
30	TGTTACAAAA TATTTAGTGC AAAAGCACGA cGGAGGTATT CAATATGaAT AACGGTACAG	1620
	TTAAATGGTT TAATGCAGAA AAAGGTTTTG GTTTCATCGa AAGAGAAGAT GGTAGCGACG	1680
35	TATTCgTACA CTTCTcAGCA ATCGCTGAAG ATGGATACAA ATCATTAGAA GAAGGCCAAA	1740
	AAGTTGAATT CGACATCGTT GAAGGCGACC GTGGCGAGCA AGCTGCAAAC GTAGTTAAAA	1800
	TGTAATTTTA ACTTATTCAA ACAGTCCTTA CTATAGGGCT GTTTTTTAT GCTTTAAATC	1860
40	GATAACAGTT GGTGTGGTAA AAGCACTAGC CGTTATTTTT TTGTCCAATA AATTTAGTTG	1920
	GAGATTTAAC AATATATAAT GGTTCTAAAA TAAATCGAAC TGATGGAAAA GTTTTTTACT	1980
	TTTCATCTGT CCGACTTTTG ATTTTGAATA TAAAAAAGCG CCAATACAGA ACTTTAATAA	2040
45	TGACGAGAAT TAAAGTCTGT ATATGGCGAT AACAAGAAGT AATGTTAAAC ACTCAAATG	2100
	TTTAACAATA ATAGGATACC ACATCGCATA ATATCTTACT ACTTAATTAA TAATTTAACT	2160
50	AATCAACTTT TTGTTAATTT TTTATTAAGA CTGATTAATT ATTGAGAATA TTTATTGTTT	2220
	TTAAATCTC ATAATAATTC AGTAATCTTG TTTTCATTTA AAAGGCGAAA CATTTAAATA	2280
55	ATTAAATAAA AATATTGCGT TTAATTTACA GCGTCAAATA TACTTATTTT TAATGCTTTG	2340

EP 0 786 519 A2

	ATTTCTGTGA GTATTTGGAA GCTACCATTA GGCAACGGTT TAACAATAGA CAATTGCTTT	2460
	TCCGCTTGTT GTATTAAAA AGGTTTTGTA GATTGATTAT TAATATGCCA TTCCTCATG	2520
5	TATGTTTTTC ACTCCTGCTT TAAAATAGGG TTAGAAAGTT TATAGTTGAG ACATTCATGT	2580
	TCAACCAAAA TTTTGTTTCA ATTCAATAAA TGTCTTGTTT AAAATAGAAA TATTGTAAAT	2640
	GTTATCGTCC AAAACTTCAC CAGTTAAGTA TTTGTTTTGA ATTAAAATTT GGCAGTTAGT	2700
10	TAAGAAGTCT TGATAATCAC GATCGCAAAA ATAGTTTTCA CGTGCACTTT TAGCATCGCC	2760
	AAAAAAGTTA GCGACTGTTT CTGTTTCTCC TTTATTCGAA CGTTCAATAT ATAATTTGTA	2820
15	AAATTTAGCT ATTGTATACT TTTGTTCTTT AGTTAGTTCA TTCAAAATAT TGGGCCTCCT	2880
	GAAATATCAT TTGTAATCTA TACCCAATTT ATTGCAAAAC AAAAATAAT TTAATTTT	2940
	GATGAACTG TGTTAATAAg CTTTAACAAG CCTTAGTTTG TATGGATCTA TAAAATTATC	3000
20	TTTAATTGCA TAGGGTGAAA TAATATGTAG TCCATAACTT TTAAGTATT TTTCACTTAC	3060
	ACCAAATTTA TAAGCTTGGT AGATAATTTT AGTACAATAC GTAAATTTTT TGCTGTTCAA	3120
	ATTTAATGTA ACTAGATAAC GATGATTTGT ATTCTCATAG TTTTCTTAA CCCATTCAGC	3180
25	CGCTTTTTTA CCTGCACCAG GATAGCTGCA ACGATAAACT TTCATCCAAT CATTTTTGCC	3240
	ACTTGCATAA TTATATTTAA AAGATTCGAA GGATTGTGTA GTTGGTTTGT CGCCAGGCCC	3300
	CTCAATTTGT AAAATCGTTT TATCATCAAT CGCGATACTA CAATGACCAA AAAATCscCA	3360
30	CATGACAGGG CCTTTTGTA CAATAATATC ACCAGGTTGT AATTGGAAAT TGTCATCTTG	3420
	AATTTCTGAA TACTTATTAT CTGCAATTGT TTTTGGTGAG TTTATTGGGG ATACGACAAC	3480
	GAATAATATA AGTAAAATTA TCGTTCGTTT AATATAGTTC ACTTAAAAGC TCCTTGTTGA	3540
35	AGAAATATAT GTAAATAGTC TTAAATTAGA ATTGTAATCT TTAATAAGCT TGtAAGACTA	3600
	AAACATATCT TAAATATTAA AGTATGAGAG TGTGAAATGT CTATTAAGAA TnAAAAACAG	3660
40	TCTGAAACAT CATTGAGACG TTCCAGACTG GATATAAAAT GAATTTCAAT TATAGACA	3719

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 345:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1676 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 345:

TTGCGTTGCC GCACCAAGAT ATTGAATGCC TAGCGATTCC GAGTATGCAA ACTGAACGCA 60

CTCTTTAATA CGCGTTATCG CTTTTTGTA ATCTGCATCA TGATAACAAA TCATAACGCC 180  
 ATAGCCACCT GCTGTCGGAA GATCATCTCC CGGCTTAATT ACTAACGGGA ATTCCCAATT 240  
 5 CTTAATCTCG TTTTCGAATT GCTCAATTTT TACAACTTTT CTTTTTGGTA AAAACTTCCC 300  
 ATTTGTCCAT TCAGGTATTC TTGCTTTATT ATTTAAAGCA ACAAATAACG TTTTATCTAA 360  
 TGCATAATAT TGCTGATTCA AGATTGTTTC ATCATGAATA TATTGAAAAT AAATCTTTTT 420  
 10 ATTTTCCTTA TGTGCCAATT GTTTGATCAA GTTTTCGTAA GATTGCTGAT TGTTAAATGT 480  
 ATAAATTGAG TTCGGTACTT CCTTACCAAT AACTTGAAAT AGCTGATGCA ATTTGTCTGT 540  
 15 CGCACTAGCT TCGTGAACAA TAACAGGTAA TTGATTTGCT ATTAATAACT CCTACCAGT 600  
 TAAAAAATTA GATTGATGTT CGTCCGGTTT CAACCATGGA TTCGATATAT ACGAAGGTCT 660  
 TGACGTATAG ACAACATCTT TGTCATATAA ATCACTTAAC GTTAAGTTCG GCTCATTACC 720  
 20 ATTATTTGTC ATTACTTCCC ATTCCCTTTC AAATGCGCAT GCTCTTCAAT AATGTCTTGA 780  
 TAAACGTCTT GATTTGTAAT TAACTCTAAC CCCATCAACG CCATTATTTT AGCGCCTTTA 840  
 ATTAATGCTT CATCACCATG TACACTCGCA GCCGCTTCTC TAAATCTATG CGTATGTCTT 900  
 25 ACTAAATTAC GTGATCCTAT TTTAATATGA GGATGTATTG TTGGCACAAc ATgaCTTACG 960  
 TTCCCTGTAT CCGTAGAGCC ATAACCAAAA TCATCATCAA TAACTGCTTC ACCAACTTCT 1020  
 TCAGCATATT TAGCAAATAA ATCATCTAAT TTCGGCGTTT TAATGAATTC ATTCACACCG 1080  
 30 TTTTGAATTC GACCAAATTC ATAATCACAA CCAGTCTGTA TCGCAGCTCC ACGTGCGATT 1140  
 TGATTACTT TTTCTGTTAA TATATCCAAT TCTTTACGCG TCATTGCTCT AGTATAAAAA 1200  
 35 CGAGCATGTG TATAGTCTGG AATAATATTA GCTGCTTTCC CGCCATCTAA AATCACACCA 1260  
 TGCACACGTT GATCTTTTTT AATATGTTGT CGTAGTTGTG CTACACCATT AAAATAACTA 1320  
 ATCATAGCGT CTAATGCATT TAACGCTTCA TCTGCATTTT CAGAGGCATG AGCACTTTTT 1380  
 40 CCGTAAAATT TAACATCTAA AACATCCACT GCCAAAGTAT CAATCGTTTT ATAAGTTTCA 1440  
 TTTCCCGGAT GAATCATTAA GGCAATGTCT ATTTGATCAA TCACACCAGC CTTGACATAA 1500  
 GAAGCTTTAG CGCTACCATT TTCCCCACCT TCTTCAGCTG GACATCCAAG AACGACTACT 1560  
 45 TTACCACCAA TTTGGTCAAT CACTTGCTTC AAACCAATTG CACCAAGAAC ACTTGCAATT 1620  
 CCAATGATAT TATGACCACA AGCATGACCC AATCCTGGCA AAGCATCGTA TTCTGC 1676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 346:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1294 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 346:

5 TACAGTAGGA ATCATAAAAC CTAATACAAC AAATACAAAA CCATTTAAGG CATAACTAAA 60  
 TGTGTTCCAA ATTTGATGGT AATTCATTTG TAGTTCCGTT TGTGCTCTAA TTAAACGGTC 120  
 10 GCGTTCTAAA CCATGGATTA GACCTGCGAT TACAACTGCA ATGATACCTG AAGCATGAAC 180  
 TTCTTCTGCT AAAAAGTATA CGACAAAAGG AGTTAATAAT TGAATAAAAG TTAAGGTATT 240  
 GTTATCTTTT AAACCTTTAT TAGCGGTTAA GTCTATACGT ATTCTAACGA CAACGAATCC 300  
 15 AATAATTGCA CCAATAAGTA CACCTAGTAT TGTTGAAATG ATAAATTGTT CAACAGCTTG 360  
 GAATAATGAA AAGGTACCAG TTAATAATGC AGTAACAGCA ATTTTAAATG AAATGATACC 420  
 TGCTGCATCA TTGAGTAAAG ATTCACCTTC TAAATCGTC ATAGAACCCTT TAGGTAATAA 480  
 20 TTTTCCGCGT GTAATAGCAG ATACTGCTAC TGCATCAGTA GGACATAAAA TTGCTGCTAT 540  
 TGCAAAAGCG GCTGGCATTG GTAAGGCAGG CCAAATCCAA TGTATAAAAT AGCCAACACC 600  
 GACTACAGTT GCAAACTA GTGCCATTGA CATTAAATAGT ATAGGTTTAC GATATTCTAA 660  
 25 TAATTTTGTG CGAGAGACGT GGGTACCTTC CACAAAAGT AGTGGCGCGA TAACGGCAAA 720  
 CATAAATACT TCAGAATTGA ATTGGAAATC AACTTGTATT GGAATAATGA AAATAACGAC 780  
 30 ACCTAATGCA ATTTGAATAA AGGCAGTAGG AATTTGTGGG AATCGATTAT TGATAACCGA 840  
 ACTAATAATC ACAGCAAAAA TAAAAATTAA AAATGCTTCT AATAGTGCCA TACAATACTC 900  
 CTCAAAATTT TAATAGTTAA TATTTTATCA CTTTAAAGGC ATAATGACAT AGATATATTG 960  
 35 ATAAATGAA GTTATTTTCA AAAAACTCT AGTATCGGTT GAACTGATAC TAGAGCGAGA 1020  
 TGTTTAAATT ATTGATTGTC ATATCTGAAA TGACCGCTGT CATTTTGTCTG TTGTTTATAC 1080  
 GCGAGCTTTT CAGCATTCGT TTTGTATTTT TtATAAAAGa AAAATAaAAA TATnaACCaG 1140  
 40 AATGGCGAAA TATAAATAGC TGCTCTTGtT TCGTCACTAA AGAATAATAA AATGAATACA 1200  
 AAGAAGAAGA ACGCTAGAAT AATGTAAGCA ATAGGCTTAC CACCAATCAA CTTAAATTTA 1260  
 45 CTGTTTTTAT GTGCCTCAGG ATGCTTTTTTC AAAT 1294

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 347:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1935 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## EP 0 786 519 A2

	ACATGATAAT GATGACGCTA TTAAACACG TTTTATTATTT TTCATTGTGA TAACCTTCTT	60
	TCGTATGATT GATATTTGTT GATATGTATC GACATGTGAA TAATATCACA AAAACAGAGA	120
5	ATATATATTT AACTATTTAT TAAATGATTT TGTTAATATT ATTAAATACT TTATCCTCTT	180
	TAAAAATAAT GTGTGTACAA AGTCATTAAT TTAGCAAATA TTTTATTTA GTAGTTAATA	240
	ACCATCGATT TGAAATTTAT ATATAATTAT TAGCTAAATA ATATCCTGCA TCTTTCTCAT	300
10	ACAATTTACT ATAAATagC ATATCCGATA TCAGCGTTAA TAAGATCGTT GATACTAGmC	360
	AGTTAATTTT ATAGAACGAA ATCAAATAAC AACTACTTTT CTGCATTTTA AATTATGTTT	420
15	AAGAATCaA ATTATGTTTA nATAAATATA TATACTACTT TGAAAGGTGT GAGCTTAATG	480
	ACAACTTTTA GTGAAAAGA AAAAATTCAA TTACTAGCAG ATATTGTTGA ACTACAACT	540
	GAAAATAATA ATGAAATAGA CGTTTGTAAT TATTTAACAG ATTTATTCGA CAAGTACGAT	600
20	ATTAAATCTG AAATTTTGAA AGTTAATGAA CACCGCGCCA ATATCGTTGC AGAAATCGGT	660
	AACGGCTCAC CTATACTCGC ATTGAGTGGT CATATGGATG TTGTGATGC AGGAAATCAA	720
	GATAATTGGT CATATCCCC TTTCAACTG ACAGAAAAAG ATGGCAAATT ATATGGCCGA	780
25	GGCACTACAG ATATGAAAGG CGGTTTAATG GCTTTGGTCG TATCTCTAAT CGAATTAAAA	840
	GAACAAAATG AATTGCCTCA TGAACGATT AGATTACTGG CTACTGCTGG CGAAGAGAAA	900
30	GAACAAGAAG GTGCCAAATT ATTAGCTGAT AAAGGCTATT TAGACGATGT CGATGGCTTA	960
	ATTATTGCTG AACCAACTGG ATCTGGAATT TATTATGCAC ATAAGGGGTC TATGTCATGT	1020
	AAAGTAACTG CAACTGGTAA AGCTGTCCAT AGCTCAGTTC CATTATTGG TGACAATGCA	1080
35	ATTGATACAC TGCTTGAATT TTATAATCTA TTTAAAGAAA AATATTCAGA GCTTAAACAA	1140
	CAAGATACTA AACATGAATT AGATGTTGCG CCTATGTTCA AATCATTGAT TGGAAAAGAA	1200
	ATTTCTGAAG AGGATGCAAA TTATGCATCT GGTCTTACAG CTGTATGTTT GATTATAAAT	1260
40	GGCGGcAAAC AATTTAACTC TGTACCAGAT GAAGCTTCAC TTGAATTTAA CGTAAGACCA	1320
	GTTCTTGAGT ATGATAACGA CTTTATAGAA TCGTTTTTCC AAAATATCAT TAATGATGTG	1380
45	GATAGCAATA AGCTTTCACT CGATATTCCA AGCAATCACC GACCTGTAAC AAGCGATAAA	1440
	AATAGCAAAT TAATTACTAC GATTAAAGAT GTAGCTTCTA GTTATGTAGA ACAAGACGAA	1500
	ATATTTGTTT CAGCGCTTGT AGGCGCAACA GATGCCTCTA GTTCTTAGG AGATAATAAG	1560
50	GACAATGTTG ATTTAGCCAT TTTTGGACCA GGTAATCCAT TAATGGCACA TCAAATCGAT	1620
	GAATATATTG AAAAAGATAT GTATCTGAAA TATATTGATA TTTTAAAGA GGCTTCCATT	1680
55	CAATATTTAA AAGAAAAATA AGAACGATGC TGTCAGCTGC CCTATTCGCG TGCTGGCAGT	1740

TCAAATATCA ACAAGCACAT TTTCATTGAT TAAGTGATGT AAAACTGAAA TTATTGTGCT 1860  
 GATTTGTCAT ACATATATTG ACTAATGGGC ATATAAAAAG ATAGCCTCTA ATAGTnACAT 1920  
 5 AAACTCGTAA AAnCC 1935

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 348:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1351 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 348:

CCTTTnCCCTA AACAAATTTTT AGATTTAGAC AACAAACCGA TTTTAATCCA TACATTAGAA 60  
 20 AnATTTATTT TAATTAATGA TTTTGAAAAA ATTATTATCG CGACGCCACn ACAATGGATG 120  
 ACGCATACGA AAGATACACT TAGAAAATTC AAAATTTCTG ATGAAAGAAT TGAAGTCATT 180  
 CAAGGTGGTA GCGATCGTAA CGATACAATT ATGAATATCG TTAAACATAT TGAATCAACA 240  
 25 AATGGTATTA ACGATGACGA TGTCATTGTG ACACATGATG CAGTTAGACC ATTTTAAACG 300  
 CATCGTATTA TTAAAGAAAA TATTCAAGCT GCTTTAGAGT ACGGTGCAGT AGATACAGTG 360  
 ATTGATGCTA TAGATACGAT TGTTACATCT AAAGATAATC AAACGATTGA TGCAATTCCA 420  
 30 GtGCGTAATG AAATGTACCA AGGTCAAACA CCTCAATCGT TTAATATTaA TTTATTAAAA 480  
 GAaAGCTATG CACAGTTGAG TGATGAGCAA AAGAGTATTT TATCTGATGC TTGTAAGATT 540  
 35 ATTGTAGAAA CAAACAAACC GGTTCGACTT GTAAAAGGTG AGTTATATAA CATTAAAGTA 600  
 ACAACACCTT ACGATTTAAA AGTAGCGAAT GCTATTATTC GAGGTGGTAT TGCCGATGAT 660  
 TAATCAAGTA TATCAATTAG TTGCACCTAG ACAATTTGAA GTTACGTATA ACAACGTAGA 720  
 40 TATTTACAGT GACTATGTCA TTGTACGTCC TTTATATATG TCAATTTGTG CTGCCGATCA 780  
 AAGATATTAT ACTGGTAGCC GTGATGAGAA TGTCTTATCT CAGAAATGTC CAATGTCTTT 840  
 AATTCATGAA GGTGTTGGTG AGGTCGTATT TGACAGTAAA GGTGTGTTTA ATAAAGGTAC 900  
 45 AAAAGTAGTT ATGGTACCGA ATACGCCGAC AGAAAAAGAC GATGTCATTG CTGAAAACTA 960  
 TTTAAATCG AGCTACTTCA GATCAAGTGG ACATGATGGG TTTATGCAAG ATTTTGTGTT 1020  
 50 GCTAAATCAT GATAGAGCTG TACCACTACC TGATGATATT GATTTAAGTA TTATTTCATA 1080  
 TACAGAGCTT GTAACAGTAA GTTTGCATGC TATTCGTCGT TTTGAAAAGA AATCTATTTT 1140  
 AAATAaAAAT ACATTTGGTA TTTGGGGTGA TGGTAACTTA ggTTACATTA CAGCCATTTT 1200



GAGTCACTTC TCATTTGTTG ATGATGTCTT CTTTATTAAT AAAATACCTG AAGGCTTAAC 1320  
 ATTTGATCAT GCATTTGAGT GTGTGGGTGG T 1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 349:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 411 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 349:

TCATCAAGTC TACGATAAAT TAAGTCCATA TCTAAAGGCT CGGGGTCGAC AGTTTGTAAG 60  
 GTATAACCAA CTGCACAGTG GCTACAACGC ATATTACAAA GATTTGTAGT TGTAATTCG 120  
 ATGTTACTTA AAGTTAATTG GCCATGTTCT TTAACATCGT TATATGCTTC CCATGGGTCG 180  
 TTTTGAATAC TTATTTTAGG CTGTTTATTA CGCATTTTAT AAACCTCCTA ATTGTTATTT 240  
 GATACCAATT TGATACCGTT TAATCAAATA TGCTCATAGC TTGATGTTTT TTATCAGTAT 300  
 ATAAATGAGA GTACGTTTGA ATTGTTTCTG TAATGTTAGA ATGCCTCATT AATTCCATTA 360  
 ATAAATACAT ATCTACACCA TTATTAATTA AaTAGCTAGC GTACGAGTGT G 411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 350:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1639 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 350:

TCATTTTCAT AGGTTATTAC GCAGATCAGC ATAATAATCC ATTCCATATG AGTcCTTATT 60  
 TTGGTTATGC AGCACGTCTA TTGGCAACAA GTGGCATTGA CTATACGTAT GTAAGAATGG 120  
 CAATGTACAT GGATCCACTT AAACCATATT TACCAGAATT GATGnATATG CATAAACTGA 180  
 TTTATCCnGC TGGCGATGGT CGTATTAAATT ATATTACTAG AAATGATATT GCTAGAGGTG 240  
 TCATTGCTAT TATTAAAAAT CCAGATACTT GGGGCAAACG CTACTTATTA TCAGGCTACA 300  
 GTTATGATAT GAAAGAACTT GCTGCAATTT TATCTGAGGC ATCaGGCACA GAAATTAAAT 360  
 ATGAGCCCGT TTCATTAGAG ACATTTGCAG AAATGTATGA TGAACCTAAA GGCTTTGGTG 420  
 CATTATTGGC ATCAATGTAC GACGCAGGAG CAAGAGGACT ATTAGACCAA GAaTCCAATk 480

TTAATAATAA AGGAGCGTTA TAGTGAATAT CATCTCAACA ATTtTAATCA TATTTGTGGC 600  
ATTAGAGTTT TTCTATATTA TGTACCTTGA AACGATTGCT ACAACTTCCA AAAAGACTAG 660  
5 CGAGACATTT AATATAAGCG TCGATAAATT GAAAGACAAA AATATTAACC TACTTTTGAA 720  
GAACCAAGGC GTATATAACG GTTTAATCGG AGTTTTGCTA ATATACGGTT TGTATTATCAG 780  
CAGTAATCCA AAAGAAATAT GCGCAGCTAT TTTAGTGTAT ATCATTGGCG TTGCTATTTA 840  
10 TGGTGGCCTT TCAAGCAATA TTAGTATCTT TTTCAAACAA GGCACATTGC CAGTATTGGC 900  
ACTCATATCA ATGCTTTGGT AAGTATTGGT GTTTGGGGGG GTGGAGATGT AGTCGGAGGT 960  
15 TTGGAGGATT TGAGCGAATT GTGTGTGGAC TTTAGACTCA GAGTATTTCA TCCTAATTAT 1020  
TTCAAGCAGA GGTGACAGTA GCGTTGCCTC TGTTTCCTTA TAAAAAAATT ATTTAATGAA 1080  
GAAAACCCAT ATCTGATTTA ATTTTCAGCT GATAAATACT CCATATATTA GAATGGCTAC 1140  
20 TTTATCTATT GCATCAATCC TTTAAACAA AAAACCCATG ATTTGAAAT TCCCGTATGA 1200  
TGGGGTTCCT ACTCTCATGG ATCAGTTAAA TAAATATTAT CACTATCAGT TTATTATTTT 1260  
AATATTATTA ACAATATATG TAGTCGTAAA AGGAAAGAGG ACATGAGAAC TTCGGTGTG 1320  
25 ATTGGCATT CATAACGCTT CCAAACATAT TATTTGGTAA CAATAAGAAA CTATTTACAC 1380  
AATATATTTT GTATAGTAAA ATTATTTTAT AATATTTAAA TCCAATTGCA CAAGGAGTGA 1440  
30 TTATCaTGGT ACCAGAAGAA AAAGGTTCTA TTACTTTGTC AAAAGAAGCA GCTATCATAT 1500  
TTGCAATCGC AAAATTCAAA CCATTTAAGA ACAGAATTAA AAATAACCCA CAAAAACAA 1560  
ATCCATTTCT TAAATTACAT GAAAACaAAA AATCTTAATC ACTTTtATTT ATAGcATTTT 1620  
35 TAATCTCAGA AATGCTATA 1639

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 351:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 1816 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

AAAATCGCAT ATAGTAATAT GAATAACCAG ATTGTATCTA CAAAAAAGTA TATTGAAAAA 60  
50 CCAAGCGCAC CCATTAATAA TGCGAGAATA ATAATAATTT TTCTATTAAA GTGATGCGTA 120  
TCCGAAAATC TAGCAATAAT TGAATTTACT GTAACTGGC TAATCGCTGC AGATGCTAGA 180  
55 AGTAATCCAT ACTGATTTGT TGTCATACCT AAATCTTTAG TTGCAAAAAG AACAGATAT 240

TTCTyTATTT GTAaTAACGC TGCAAACATA TCCATAACCC CGCTTCTTAG AGCCCCTTTT 360  
 AATTnATnAA TTAGGGGCTC TTATGCAGTT GGTGCATTAG CAACCAACTG TATTCCTTTG 420  
 5 TCCCCTTTTA ATTTATTaAT TAGGGGCTCT TTTGCTGTTG GTGCATTAGC AACCAACTAC 480  
 GTTCAATTTA ACCGAATAGT TTAaATTAA ATACAAACCT TAAATTAGTC TAAAACTACG 540  
 CCTTTGGTTG TTCAACAAAG CTCGCCATGA GATTTACAAA AGAATCAACT TGTGGCAATT 600  
 10 GCAACATGCT CGGATCATAA CTCATAAATG TCGAACGAAT CAGCGGTTCA TTATCAATTT 660  
 CTACTTTTTT AACTCAAAT TGTTCTTTGC TGATATTTTT CATCATAATT TCTGGCAAGA 720  
 15 TTGTAACACC TACACCACTA ATCAACATTT CTTTGCAAGT TGCTACTTGA TCCACTGTAA 780  
 TAGTTGCATG GTAATCTTGT TCTAAATTAT CGTTATACCA TTCTTTTATT TGATTTATAT 840  
 AAATCGGATC AGCTTGAAAC TCTATAAATG GTAACCTTGT AACATCATCT CGTCTATTTT 900  
 20 TTGGAAAAAT AAAATAATGA TCATCATTAA ATAAATGTGT GTTAGCTAAA TTCATTACCT 960  
 TATTTCCACG AGTTATCATA ACATGATAAT CTCTATGATT TGCTTTAATT TGTTCAGTTG 1020  
 AACCAACTTG CACTTGTATT TCAACATTAG GAAATTGGGC ATTATATAGG CTCAAAACCT 1080  
 25 CAGGAAGTAA GGTTTGTCCA ATCAAAGAAG AACACCCGAT TGATATTGTT CCATTCACCT 1140  
 CACCAATATG TGCCTGCATT TTGTCAAAAA ATAATCGCTC TCTTTTCAAC ATGTCACGAG 1200  
 30 CATGCTCAAT AATCATTGTT CCTTCAGTTG TTGTAATCAA TTGTTTTTTT GTTCTGATAA 1260  
 AAATATCTAC TCCAAAAGCA TTTTCAATAG CTTTTAGTCT TTGTGTAACA GCAGGTTGAG 1320  
 ATATATATAA AATTTAGCC GCTTTACGTA ACGTTTTTCGT TTCGTCTAAT GTTATTAGTA 1380  
 35 AACGATAGTC TTCAATCTTC ATAATTTCCC CCCATAAATT ATTCAATTAT TGAACCTTCA 1440  
 TGGCTACAAG CATTATGAG TTCATTACTA ACGAATAATT TCACCAATTT TATTGGTATG 1500  
 GCTGCAGCTT GAATTACTTA GTTTTTCTTT TGTTGTTGGT GATTTTtagT TTGATTATAT 1560  
 40 TGCTTAGGCT TTATTTGTTT GCTTTTTTCA ATATTAGTTT TATTTTGTGG CTTTGTATGA 1620  
 TTTTTTTGAG CCTTTGCATT AATTTTATTA AAGCAGTACA TGATTTTCTT TTGGAATCCT 1680  
 45 TTAAAATCAT TTTCTAACTC TGCCATAAAT TGATGTGCAA TCATATATGC TTCATGAAAT 1740  
 TGCTTTTTTG TAATTTGCTC ACTTTCTAAT GCAAACATTA AATCATCTTC ATCTACCAAC 1800  
 TCATaTcACC ACTTGG 1816

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 352:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 9956 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 352:

5	GCGTTGTCGT CGATGATTAA TAAAGTATGG GTATACCATT AAGAATAACG CTACCCAAAT	60
	gAkTGCTAGT GACGTGCCGC CAATGACATC TGAAAAGTAA TGTGCATGAA AATAAAGGCG	120
	ACAAAATAAT ATGCTAAGCC ATAATATTCC CATAACCAAC GCACTCAACA CTTTTGTTAT	180
10	TGTCTTAGCA GCAAGTGAAG TAATAATGAT CATTAAGGCG AAATATAATA ATGTGCTGGC	240
	GTTGGAATGT CCACTCGGAA ATGAAAAGCC TGTATCAACG GCTAAATGAT TATATGGTCT	300
	TGGACGTAAT ACAGTATCTT TAATTAATTT GTTCATGATG ACACCTGAAA CCAAATATGT	360
15	CACAAACCAA ACCGCTAAAT GCCTCTGTTT AATAAACAGT ATGATTGTGA CGATAATGGA	420
	AATCAACACG ACACCTTTGA CATCTCCAAT TTCCGCACTA AACGTCATAT AGTAATTAAA	480
20	CAAATTGTTA ACATACTGAC GTTGTGGCTC ACCGAAATAA TCTGTAAACC ATGTTAATGA	540
	TCCCATATCT ATATTTTAA GCCATTCTTG ATTTGTCACT ACACTGTAAA ACATACCTAT	600
	AAATACAATC AGCGCGATTA AAAATAAAGG CACTGTcATT TTCGGTGATG TTAATTTTTT	660
25	ATCTATCATC TTACAATCTC CTCGTATCAT CATTTTCATT TTACAAATGT TATCCATAAT	720
	ATCAATGTGC CACAAATTTT ACTTTACCGA CAATATCAAA ATTATAAAGT TCATATTGTT	780
	ATGTATATTG CAAATAAAAC ATTGTATAAT TGAAATAACA ATATTTTGCT ATTTTCAATT	840
30	TAGTACGATT TATATTTATT ATACAGAGGG GGTAAAGCGT ATCAATAGAG TTATTTTGT	900
	CTATATAGCG TTAATCATT AATTAGTTAG ATTCTTTACC CCTATTCATC CATCATTTTC	960
	AAATTTGATT TACTGGATAT TTGTATTATA TTTTATTCTT ATTATACTAT GCGTTATCGG	1020
35	TTTCAAGGCC GAAAACTTA TTGCAACAAT GGTCAATTATA CCTAATTTTT TAGGAATACT	1080
	TTATCGATTA TATGCCTACG TCACACATAT ACTCTTTATG TAAAAGGATA GTGGGCATGT	1140
40	CTCGCAACAA ATATGCTTGC GTCGACTTGT CACCAATTCG AAATTTTATG ACATACGCCT	1200
	TTACGGGCT ATATTCAGAC CCACGCATTC ATCCACGTAA TAAACACATC ATGTAATAGA	1260
	AAAACAGCAC ACCCAAATAT ATGGCGTTGC GCTGTTTAAAC CAAGCATACT TCTATAGCTT	1320
45	TAATAAGCCA GCAGAAGCAT ACCTAACCTT CTTAAATATG CTTTTCCAAA TTATCCTCAA	1380
	GTTTGAATAC GATAATACGT TCACCTGTAA CTGTACTTAA ATCACTATGG AAGCTCATCA	1440
	CTTTGATACC TGTAATTTTA AAAATGATAT CATTCAAATC TTGCTCACCG GATTCAECTA	1500
50	ATTCAGAACG TGTTCGTTTA ATATTTAATA ATCCTTCATT CGTACTACAT ACACGATATT	1560
	CAGCTGGCGT TAAGATACCT GTTAACTAA TAATCACCAT ATCTCTTAAA ATGTCTGATT	1620

55

	TTTCAGCTTC	GATTTACACCT	TTCGTTCTTT	TCATATCACT	AACTCCAATA	ATATTAAAAT	1740
	TGATTACTTC	ATCTTTGTAT	CGTTATCACG	ACATCAACTA	TTACATTAAAG	TTTATCATTT	1800
5	TTAGTATATT	TTAAGAAGCT	AGAACATTGT	AGATATGATG	ATATATTAGT	TACTTAGCAT	1860
	CGCAACATAT	CATCGTTAAA	TCCAACTTTT	AAAACGCCCT	TCCTCATTAA	CGCTCATTAA	1920
	ACGCAGCCAA	TGATTAGACA	CCTTCCTAGC	GAAATGCTCA	TTATTGCGCA	GTAGTCTTGC	1980
10	TACAACATAG	TCGGGTGCCT	GAATAACGAC	AAGTAAACGA	ATTGGCGAAT	GATACATCGT	2040
	CCGATCAGCA	GCCATAACAG	ATTGCCATGA	TAAGCCATAC	ATCAGATCAC	TCGCATTACC	2100
	TTGCATGACA	CCAACACCTG	ACGTGACGGT	TTGTGTCGCT	TTATTCCCAC	TTCCGTAAAA	2160
15	ATGCGGCGCA	ACTGTCGACG	CATAATATTG	TAAATTAATC	CATTGTGCCA	CAAGTGCCGG	2220
	ACCAGAAATG	ATGGTATTTA	ATAATGTGCC	ATCTTTATCT	TTACGCCAAT	CATAATTGTG	2280
20	TAAAAATGTC	CGCCCTTCTA	AATCAATGCC	TTTTGTTAAT	TGGCGTCGTC	CAATTATAAA	2340
	TGATGCATTT	TTAGCCAATC	CCCATTCTGG	ACGTACCTCA	CTCCAATCAC	TCGCAAACCG	2400
	CTGCGCTTCT	TCCACTGGAT	GATTCACACG	ACCAATCGTT	GGCAGTTTGT	CCAAACGTTT	2460
25	GCGATTGCGg	TGtTCAGAAA	TCATCGGCAT	CGCGTCATT	AATGATTCAT	ATGCATCTAA	2520
	AGCAATAGAA	GATAATGTGT	CTGGCACATA	TACCCATGCC	AACGTATCAG	TAGACGTATG	2580
30	ATGTTCTGCT	ACCGCAAAAA	CAGTTGTCTC	TGGAATATAC	ACACCTGATT	GTTTTAATCC	2640
	TTGTCTGACA	TTTGGACGAT	TACATATCAT	CGCTAATAAC	TTAGCATTAA	AACCGCTTGA	2700
	TGCGCCACCA	CAAGCCCCAC	ATTCAAGTGA	TGCATGATGT	GGATTATTGT	GAGAATGACT	2760
35	AGCATGACCT	GCTAACACAA	CGAACGGCGC	AAATGCTTCG	GTTAAATCCA	TCAATTTCAA	2820
	CGCTTGTAAC	GCGAAATCAA	TTTGCTCTTG	CTCAGTAAAT	CCAACAGGTA	AGTCTGATGT	2880
	TCGGTCAAAC	TCACGATCAA	TCGTCAACTT	TGTTTCAGGC	TTTTTCAACC	ACTTTTGTTT	2940
40	TATTTTTTGT	AAAGACGCGC	GACTTTTTCT	AGGCATAATC	GAATTGACAA	TGGTACTTAA	3000
	GCTTAAAAAT	GGCCCACTTA	ATTCAGGCAA	TAACAGACTA	GGCATGACAT	TATTTTTTCAT	3060
	CAATTTAAAT	GTGTAAAACA	TCGATGACAT	TGTCTGTTGC	TGTTGTCGAT	AAACATTCAT	3120
45	ATCGTAGCGG	TCTGCAAATT	CTTTAATGCG	ATATGCCGGC	GGTACCATGA	CAGGTAATGA	3180
	ATCATGTTTG	AATTGTTCTG	CTACGGCATC	TTTTTGAATA	GGTAATCCAA	AGAAGCCTGC	3240
50	AATACCAATC	GTTTCAAAGG	GCCCTGCTGC	TCGATATGT	CTACGAAATG	GTTCTGAACG	3300
	AACATCTATA	CAAAATGCAA	TTTGGCGTTT	CGTTGATGTG	CCCATCTGAT	TTAGCTCGCT	3360
	ATTATTTTCA	TCAACTGCTT	GTGTGTCATT	TAACAATACT	GAATGTGGCT	GATTAGCGTT	3420

55

## EP 0 786 519 A2

	TGCTTTAATT	TTTTGTTTTA	ACTGAGATTC	GTATGTCATT	TCCCAGGCAA	TTAGCCATAA	3540
	ATTTTTAAAT	ACATTTTAT	TCATAGTTGC	TGCAAAATGA	ATAAACGTTT	GAATTTTCATT	3600
5	GACGTCATGT	TGTAGTAATA	CATCGCTAGG	CATATCACTG	TAGTAACACC	ATGATGCAAC	3660
	AGTTTGCTTA	AACCAATTTT	CCGATCTACT	TTCACAATCT	TTAGCGACTG	ACTTAAACTC	3720
	ATCACCAACT	AGCAATTGTT	CGACAATAA	CCGAATTGCC	AAATAATCCG	TTAACAATG	3780
10	TTGTTCAAAG	TGATGCTGTT	GTGAACGGTA	ATACAACATA	CCTGCCCAAC	CCGGTAACGC	3840
	CAAAAGATGT	CCTTCAACAT	AAGCTTGGA	GTCTTCTGA	TCTATTGAAA	AATGAGTTAA	3900
15	TACTGACTCT	ATCGTCATTT	CAGGATCATT	GGGTAAGCCT	TTAATCACTT	GGCGCTGTGC	3960
	TTTAGTAAAA	CTATGGTCAT	GTTGCGCTAA	ATGCAACCAT	GCATGGTAAA	AACTTTGcTC	4020
	ACGCTTCGGC	ATTGTCCAAC	TCGATAGAAA	TTGATCGATA	TAAAGTTTCG	TCCATTTAAT	4080
20	CATTTGACGA	TTCACTTGTT	CGCTAAGTGG	CTCACCTTGT	TCATCTATTA	TTGCATCACT	4140
	CATCGGACGT	ACATCATAGT	GATGATATGA	TTCAGCCATA	TCACGTTTTG	ATTTTCTAA	4200
	TAGTAGATCA	GCAACAACAT	CAACATTTGA	ATGATTCATA	TATGATGCAG	GTACGTCTTT	4260
25	TAATGTTTTA	ATGTTATCAA	TATAAAGATT	GATGTAGTGT	TGCGGGATAT	TGTAGTGATG	4320
	TTCAAGTAAC	ATATCAGTAA	CAAGTTGATT	AAAGACACTT	TCATCTAATT	CACCACGTGC	4380
	CACAGCGCTT	TCTATTAATG	CTTTATTTGG	GAAAATATCC	ACATCTCGAA	CATCACGTAA	4440
30	CCATTTTGCG	ACATCTTCAA	ACGTATCCGC	TTCTAATCCT	TCCCATGGAT	TTCGTGCTGC	4500
	AAAAATCGAA	ATTGGTGATA	ATGGTGTAAT	AACACGTTTC	GCATTTTCAA	TGACTGAATT	4560
35	GATATTTAAC	TGTGTTGTCA	TACCTTTTAC	CTCCTATAAA	TACTTCTTCA	AATAATTCCG	4620
	ATGACTTTCT	ATCGCTTTTG	AGCGTGCTTC	ACCTAGATTA	ACTAACCACA	CGTACAATAC	4680
	CGCAAAAGCC	TTAGAGTATC	GATGCCGCGC	CACCCAAATA	CTTAATAAAC	TGCCAAAGAT	4740
40	TAAAATAACA	ACACTAATGA	TGACACTCAC	TGTAGGCGGC	GTTGTGCGAT	GTGTTGTTAT	4800
	ATTTTGTAAT	ACAGCGTAAA	AATAATTATG	TGTGATGACG	TAGATAAATG	TCACGATTGC	4860
	AATCAAAATC	ATACCAACAA	GACGTGCCAT	GCGTCCTTTA	CTAAAGGCTA	CCATTTGATT	4920
45	CCAAGATACA	AGTAATGACC	ATCCTAGAAT	GAGTGCACTT	AACACTTCAT	ATGCACTTCT	4980
	GTCACTACTC	ATCCAAAATA	GAAATGCCAC	GATAATAGCT	AATACACGTC	CCATGACAAT	5040
50	CCAGCCATAA	GCGTCTTTAG	CAGATGCTTG	TTTTGGAATA	TTGAATCGCT	TCACGATAGA	5100
	ACCTGATTGT	AAAAATAATG	TTGCTTTAAA	AATACCGTGC	AATATTAAAT	GAATAATCGC	5160
	TGCTGAATAT	ACACCCAATG	CACATTGAAC	TAACATAAAG	CCCATTGAC	TCATCGTAGA	5220

55

## EP 0 786 519 A2

	AGAAATACTA GAAAGGATAA GTAATAATGA TAACGCAAAT CCATTATCAA ATATCGGCGC	5340
	AAAACGAGTT AGAATAACAC CACCTGCATT CACAATTCCT GCATGCATAA TTGCCGATAC	5400
5	TGGCGTTGGT GCCGTTACAG ATTCAATCAA CCATCGATGA AAAGGAAATT GTGCTGCCGG	5460
	TATCATGACA GCTAATACAA GTAGTACATT CGTCAACAAT GACCATGTCTG GATGAACTAT	5520
	ATGTTGTGGT ACCCGCCACT CGCCAGTCGC AATATAAATA GTTACAATTG CTCCAACGAA	5580
10	TGCAAGCCAA CCACATAAAA ATGTCATGCT TGATAATTTT GCAGACTCAC GTGGCACTTT	5640
	CCAAAAACGA TTAACGTTCA TCAGCAATGT TAAACATAAT AATGTAATAC CCCAGCAGAG	5700
15	TGCCATCAGT CTTAAGTCTT CAGACATCCA TGCTAAAGAT GCAAACGACG TAATCGCAGT	5760
	GAACAATGGA AAGTAATGTC TATAATGATG ATCACCTAGT AAATATCGCA TTGAAAACCT	5820
	TTGAATAATA AAGCCAAGCG CCATTACAAA GCCAGCTAAT AACCAAGATA AACGATCTAT	5880
20	TTTAAATGGA CCTAAGACAT GTTGACCATG AATACCGAAA AAGCCAATGA CTGCAAATAA	5940
	TACTGGCATG ACTAGTATGT ATAAATGTAA TTTAATATAT CTCATTGGCA TAACTGGTGC	6000
	TAAAAACAAC AAGCCACTTA TCAATGCAAT GATAAGCGCA ATAACAAACA GTGAAAATAG	6060
25	CAATTGAAAA CTTAACAACG CATAACCTCC TTATTTCTAA TCTCTCGCAT AATTGCTTAT	6120
	GTATAAAAAT AAAAACCTAC AATAGTAGAT TCTGTACATA ATGGCAGAAA ATTTACTATT	6180
	GCAGGTTTCA GTTTAACTAG ACACTGCATC ACGGTACGTT GATATACCTT GTTGCAGTGT	6240
30	TCTCTTTAAG CGTGCTCCCA TGCACATATG TATATAAAAT GTTACTTCTG TCTGTTCAAT	6300
	TCATCTTCAT AAATATGCTT TGCCTAGACG AGACCTAACG TGTATTTCGT TTTAAACTTA	6360
35	TAACATAAAA TATAATTAAA TTTCTGCTTC ATGTCAAATT CATGAGCTTA ACCTCTATTA	6420
	AACCAATGAT TGTAAGATT TTGTAAATGC ACCTGTACAG TTAGGCAGTA TTTCCCGTCC	6480
	TTTTAAAATA AAAAATTCGC AGTTATGATC ATAACAATTC AAGTTAGGAA AAAAATCAAT	6540
40	TACGCACAAG ATAACATATGT ACAATGAAGT TAACTCATAA GCAAAGGAGG TAATCTTAAT	6600
	GGGTATCATC GCTGGCATCA TTAAAGTTAT CAAAAGCTTA ATCGAACAAT TCACTGGTAA	6660
	ATAAGATTTT ATAACAAACA AAGGAGGTCT TTCACATGGG TATCATTGCA GGAATCATT	6720
45	AATTCATTAA AGGATTAATT GAGAAATTCA CTGGTAAGTA AGTTATAAAA ATCTCATAGA	6780
	TATGAACATC TTATTTGAAG GGGGCCATTC ACATGGAATT CGTAGCAAAA TTATTCAAAT	6840
50	TCTTTAAAGA TTTACTTGGT AAATTTTATG GTAACAATA ATCTCAAACA TTAACGATCA	6900
	ACAACTCATC ACTATGTTAA ATCAACATAC AGGAGGACAA AACGATGGCT ATTGTAGGTA	6960
	CTATCATTA AATCATCAAA GCAATTATCG ACATTTTCGC AAAATAATTT AAGCGAATTG	7020

55

## EP 0 786 519 A2

	TTATTGATGT GAGGTGAGTC TTGTTAGTTT GTTGCAAATA AATGGTCTTG GTGTTTTTTG	7140
	TATAGGACGT TCTTAGTGGG ACATACGGAA TATTCGTGAT CTTTGTAGTC TGACGCGTTA	7200
5	TATTTTTGTG GCGTGTTTTA TGTTTGATAC TCGAGTCTG AGACATTCAT GATTTGGCAT	7260
	GCGAAATCTT AATGATTTTC ATGATCTAGC GCAAGATATA TTGGCCACGT GCGGAATTGC	7320
10	GTTGCACGTT TAGACTGAAA CACTCGTGTG ACCGTAAGTG TTAATAGTAC ATTGATAGCT	7380
	GCATTTACTT CACTCATTTT TATGACTGTT AAACAATGAT TGTACCTTCA ATTAACAGTT	7440
	GGTACGATGG TTTTGCCATT TTTCATCAAC GTAAATATAA AAAGGACTAA GACACATACA	7500
15	TGTCCTAGCC CTATGGATAA AATGCAAATT TCTGCTTTAT CAAAACATC ACACCTTTAGA	7560
	TAGATTGAAA ACAAAAAGAT CCTAAGAACA CCTTAACCTT TTATTAATTG TCATAAATTG	7620
	CAACAATTA AGCCACAATT CAAAAATGAT TATACTTCAT TCAACTTATC GTGCTGGTCT	7680
20	AATTTGCCAT TGATATGGAT CTTCAAATTG TTGCCAATCT GCATCAATTT CTGCGCATT	7740
	GACTAAGCAT GCGTCGAGTT CTTTTGTAA TTTTCTTCA TCTAATTCTG TACCAATAAT	7800
	GACAAATTGT GTATGACGAT CGCCATATTC TGGATCCCAT TCAGCTGCGA CATCTTGACG	7860
25	TTCTGCTAAT ATTTGTGTTT GTTGCGCTTC AGACATACTA GCCACCCAAT ATGTAACCTG	7920
	ATGAATATTG CAAGATGACC CTGCTTGAGA TAATAAACAT GCTACGTGAT TGTATTGTGC	7980
30	TAGCCATACG ATACCTTTTG ATCGAACGAC ATTATTTGGC ATGCTTTCTA ACCAATCATT	8040
	GAACCTTTTA GCATGGAAAG GTAGACGACG TTTATATACA AACGATGATA TACCATATTC	8100
	TTCTGTTTCA GGTGTATGCG ATGCATGCCC ACCAGACTCA AGTTCTTTGA TCCATCCTGC	8160
35	TGACTCGCTC GCTTTTTTCAA AATCAAAACG CTGCGTATTC AAGACTTCTT TTAATCTAC	8220
	TTCAGAATTT GTTGTCTTAA TAATTTTAGC AGTCGGTTGC AATGCGCTTA ACATTTTTTC	8280
	TAACCTCGCT AGTTCTTCTT CACTAATTAA ATCAATTTTA TTAATAATCA ATACATCACA	8340
40	AAATTCAACT TGGTCAATTA ATAAATCAGC AATCGAACGC TCATCTGTTT CGTCAACGCT	8400
	TTGATCACGA TCCATCAATA AATCTTCTGA GTTGATGTCA TGTACGAAGC GGTTAGCATC	8460
45	CACAACTGTA ACCATTGTAT CTAAACGGCA AATCGCTGTA AGATCAATGC CAAGTTCATC	8520
	ATCAATATAT GAGAAAGTTT GTGCAACAGG TACTGGCTCT GAAATCCCTG TTGACTCAAT	8580
	AACAATTTGA TCGATGCCAC CTTTTTTCAC TAAACGCTCA ACTTCTTTTA ATAAATCGTC	8640
50	TCTAAGTGTA CAACAGATAC AACCATTAGA AAGTTCGACT AATTTTTCAT CTGTACGCGA	8700
	TAGTCCCCCA CCATCTGCGA CAAGATCTTT ATCGATATTT ACTTCACTCA TATCATTTAC	8760
55	AATTACCGCG ATACGTGAC CTTCTCGATT TTGTAAAATA TGATTTAACA ACGTTGTCTT	8820



ACTTCAATTT ATTTGTAAAT AGGAATAATT CTGTTTTACA TTATATAGGA GCGTTTCCTC 8940  
 TTTCGCAATC TTCGATAATA AAAAAATAGT ATACTTAATT AAATTATTGA GCGCTTACT 9000  
 5 TTATAATGGA GACAAAGATA TATCTCACGA AAGAGAATCG AGGTGTATAA ACATGTTATT 9060  
 TGTCAITTTA GTTTTATATG TTAGTGGTAT TGCATTTATT CTAATCAGTG TTTTGGTTC 9120  
 AAAGACTGAA GGATTATCTA CGAAACATAC TTTATATACC ATTGGCAGTG CTATTATAAC 9180  
 10 GATTGCTATT TTCATTTCAA TTGGCTATGC CATTCAATAC TTAAGTGCAG CGCTTTATGG 9240  
 TTTGTAAGGT GAAGGTGATG AGTAACGGGT AGTTCGGGAG AGGTAACTT GCGTTGATTT 9300  
 15 TGATAAAGTG ATCATAGCTT TTAGTACTTG AGGATTTTTA TTGTTGCTGT TACGAATGTG 9360  
 GTCATGTTTA ATGCGGGACA GTAATTTAAG TTGTTTTTTT ACAATTGAGA GTGTGATATT 9420  
 TCGATTCGGT TCGAATTACT TTACATGGGA ATAATATAAA TAAAAAGAA GCGGCCTAGT 9480  
 20 GTCAGTTGTG AATATACTGA ACATTGGTCG CTTTATTTAG TAGTATGATA TGTAGTTTAG 9540  
 CTATTAATTT TTTTCAGGTC ATCCTTAATG CTGTCTATCT CAGACATGGC ACTTTTAACC 9600  
 CAATCTCCTT GAGCTGCACC TTTAAAATTA GCTTTAAAAG ctTCGCAATG TTGCGCCATT 9660  
 25 TGTTCAAATTA ATACTTTTTT TTCACCTTTT AATCCGTTTT CAATATCTTT GTATTTATGC 9720  
 TTATGTTTCA GTGCAATAAC TGTGCGAATA TTTTCTTTTT GCGCTTCCAT TTTAGATATG 9780  
 30 AGATTAAGTG TTTCTACTGT AGTACTTATA TCTGGCATT CTTAAGGTCAT ATCTGGTTCT 9840  
 ATTAGAGTCA TTTAATCTCC TCCAAATTAT CAGTCACTTA GCTTATCTAA CTGCTTTTCA 9900  
 TAAGACTTTT TTAAGTCTTC TTTATATTCT TCTAATTTCC CATTCTTGCT TTCTGA 9956

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 353:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2411 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 353:

45 TTTCTTTTAA CAGATTATC cCATTAAATTG TTCTACAAGC CCACGATGAG CAATATCATT 60  
 TTTAGCAACC ATTAATAAAC CAGAAGTATC CATATCTATA CCGTGAACAA TACCTGGACG 120  
 50 AATTTCTCCA TTAATACCTG ACAAATTTTT AATTGATAC ATTAACCAT TAACATATGT 180  
 ATTGGTATAA TGCCCTGGTG ATGGATGAAC TACCATGCCT TTCGGTTTAT ATACAACTGC 240  
 AACATCGTCA TCTTCATAAT AAATATCTAA ATTTAAATTT TCAGGTAGAA TATCAGCTTC 300

55

	AACAACCTTTA TCGTTTGCAA CGACTAAACC TGCTTTAATC CAATCTTGTA TCTGGTTACG	420
	AGACCAATCA TTATTTAATT CAGGCAGCAA CTTATCTACA CGCATACCTG TTTGTTCTTT	480
5	ATCTGTAATG TTAAATTCAT AAGTCTCCAT TACTTAACTT CCTTCTCCTT TTTATTGGAA	540
	GTATCCTTTA ATAAGGCAAT AATAATTAAT ATTACACCAA TTGTTAAACT TGAATCTGCG	600
10	ATATTAAATA TTGGAAAATC ATAACCAAAA ATATTTGTAT CAATAAAGTC AACAACTTCT	660
	CCTGTTAAAA TTCTATCAAT AAAGTTTCCA AGTGCACCTG CAAAAAGTAA ACTAATAGCA	720
	ACTTGCATAA ACAAATTATA TTGAGCATCT TTAATAAAGA AATATACTAA GGCTATTAAAT	780
15	ATAATAATGG TAATAATAAA GAAAAATGTC ATTTTTCAC TCAATATTCC CCATGCAGCA	840
	CCATTATTTC GATGTGATGT TATGTTTAAA AAGTGGGTA TCACTTCAA TGAATCTCCA	900
	ATTTTCATTG TAGTAGCTAT AATATATTTA GTAACCTGGT CAAATATAAC GACAAATACT	960
20	GCTATTAAAA TGGAAGTGCC AATAAAATAT TTTTGTGCA TTTTCGTTCC TCCAATCAAT	1020
	CGTCCATGAG ACAACTCTTT ATATTATAGC TTACACCTGC TAATAAAAAA AGTAAGCATA	1080
25	TTACATTAAA TCTAATGTTA CTAACCTCAAT ACTTGATAAA CTACTATGTT TTGACATTAA	1140
	ATATGAACTT AATTATTCTT TTATCATATT TAAGATGACA TTAAAAATTA GGAAAGCAGG	1200
	CTGGAACATA AATCCCTAAA AAGACAGTAG TAAGATATTT TCTAATTAAA AATTATCTTA	1260
30	CTGCTGTTCT CTATTTATAC AATACTTCGT ATTGAATGGC TTCGCTATGC CCATCTGGCA	1320
	CATTACTGTA AAATTCTATA AATAGAATTT TTGATGATGG GTCCCTTCCT AGGGTGCCGT	1380
	CTCAGCCTCG GCTTCGACT GGCACCTGCTC CCTCAGGAGT CTCGCCATTA ATACTACGTA	1440
35	TTAACATGTA ATTTTACTTT TAAATACTTT AAAAAAATAA GACATGAATC GTCTACACTT	1500
	AATTGGACAA ATTCTATGAG AATAGATATT GTTAATTTAA GAAAGTAGGC TATTTTGAGT	1560
	TCTACTCGAA TGTCAGTTCTG AGGAATAAAT AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA	1620
40	ATGGCAATTA ATATAAGGAA AATAGCAGCT CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC	1680
	AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAATTAAT AGAAATCAGC TTTTATACAT TGCCTAAGAA	1740
45	CTTAATGTCC CAAGCCCTAA AACTGTGTGT TATTTATTTG ATTTAGCAGC GATACGTTTA	1800
	TATCTTAAGT ACATAAATGC TAAAAGTATA AACCAAATCG GAATAAAATA AATTGCACGT	1860
	CTTGTATCAA CATTAATAAA TAATAACCCG AACACAAAAA TGAAGAATAC AAATATTAAG	1920
50	TAGCCCATAT ATTTGCCACC TAATAGTTTG TACGTAGCAT TTTTATGTAG ATCTGGGTTT	1980
	TTACGACTAT AATTGATATA TGCAATGATA ATCAGACCCC ATACAACTAA AAATAACACT	2040
55	GTAGAGATGG TAGTCACATA CGTAAATACT TTTGTGCAT CTGGGAAAAT ATAGTTTAGT	2100

EP 0 786 519 A2

TTATTCGTCT TAGAAAAGTT CGGAGGTGCT TGTyGTTGAC TTGATAAAACC GaAAAGCATA 2220  
 CGGCTATTTG AGAATATACC ACTGTTACAT GATGAAGCAG CAGCGGTAA TACTACAAAA 2280  
 5 TTAATCAAGC CCGCAGCAAA CGGAATTCCG ATCAATGCGA ATrATTTTnC GAATGGACTG 2340  
 TTATCAGGAT CAACTTGCTG CCAAGGGGTA ATAGACATGA TAACCGCTAA CGCCCCAACG 2400  
 TTnnATATTA A 2411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 354:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 605 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 354:

GnGAATTATT TTTAATAATG AAAGGATTAC TTnCATTGGGT TTTTACTAGG AnTACCCAGA 60  
 AGGTCAAAAT ATTTTGTATG CGCTAAGTCA ATATGAAGTT AAGCGACGCG GCGATATGGA 120  
 25 AGAGGATCCA TCATATAAAC AACTCATTTC TTATTGTTTA CTTGAAAATG AGCATGGCGA 180  
 GATATTAGTG TATGAACGAT TATCTGGCGG TGGAGAAGCT CGATTGCATG GACAATCTTC 240  
 AATAGGTGTA GGCGGTCATA TGAATGATGT TCCAGGAGCA GAATCTATTA ACGAAGTATT 300  
 30 GAGAGTTAAT GCACAGAGAG AATTAGAAGA AGAAGTAGGT TTAAGTGAGC AAGATTCACA 360  
 AAATATGGAA TATATCGGTT TTATTAATGA CGATAATAAT GAAGTGGGCA AGGTACATAT 420  
 35 TGGTGTGTA TTTAAATCA CTGTAAGTAC GAATGATGTA GAAGCTAAAG AAACAGATAC 480  
 TTTACGAATA AAATGGGTTG AAAAAGGCAA CATAGAGTCA TATGATGATT TCGAAACGTG 540  
 GAGTGCATTA ATCCTTCAAG ATTTATAATC AAACGAGGTG ACATATATGT CAGATATTAT 600  
 40 TCCAG 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 355:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 668 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 355:

TTTATTAGCA CATCCAAACT ATTCATATGT TGGACAATTT TTAAACGAAC TAGGATTTAA 60

ACAATTAGAC ACTGAACATT TAGCTGATTT AAATCCAGAG CGTATGATCA TTATGACAGA 180  
 TCATGCTAAA AAAGATTCTG CTGAATTCAA GAAGTTACAA GAAGATGCAA CATGGAAAAA 240  
 5 GTTGAATGCA GTTAAAAATA ATCGCGTGGA TATTGTTGAC CGTGATGTTT GGGCAAGATC 300  
 TCGTGGCTTA ATTTCTTCTG AAGAAATGGC TAAAGAACTT GTTGAATTAT CAAAAAAGA 360  
 ACAAAGTAA GGTGGAAGTA AATGGCTATA AAAGAAATAA GTAGCCAATC TGCCATAGAT 420  
 10 CATAAAGAA AAAGACGCAC AACACTCACG TATATAGTGA GTTTGTGCTT TCTTTTTATT 480  
 TGTATATATT TAAATATGGC GATTGGTTCT TCGAAAAATTA ATTTTAGCGA TATCATTAC 540  
 15 TATGTTACTG GTCATACAGA TACGAAAGCA ACGTTTTTAT TGCATAATGT ACGTATGCCA 600  
 AGGATGATTG CAGGGTTATT TATTGGCGGT GCATTAGCGG TATCTGGTTT GTTAATGCAA 660  
 GCAATGAC 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 356:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 787 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 25 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 356:

30 ATACAAAAAA ACATATCGAA AATAAAGCTA AAAGAACTA TCAAGTTCCA TATTCAATTA 60  
 ATTTAAATGG TACATCTACA AACATTTTAT CGAATCTTTC ATTTTCAAAT AAACCTTGGA 120  
 35 CAAATTACAA AAATTTAACT AGTCAAATAA AATCAGTACT GAAGCATGAT AGAGGTATTA 180  
 GTGAACAAGA TTTAAATAT GCTAAGAAAG CTTATTATAC TGTTTATTTT AAAAATGGTG 240  
 GTAAAAGAAT CTTACAGTTG AATTCAAAAA ATTACACAGC AAACCTTAGTT CATGCGAAAG 300  
 40 ATGTTAAGAG AATTGAAATT ACTGTTAAAA CAGGAACTAA AGCGAAAGCA GACAGATATG 360  
 TACCATACAC AATTGCAGTA AATGGCACAT CAACACCAAT TTTATCAAAA CTTAAAATTT 420  
 CGAATAAACA ATTAATTAGT TACAAATATT TAAATGACAA AGTGAAATCT GTATTAAAAA 480  
 45 GTGAAAGAGG CATCAGTGAT CTTGACTTAA AATTGCGAA ACAAGCAAAA TATACAGTAT 540  
 ATTTCAAAAA TGGAAAGAAA CAAGTAGTGA ATTTAAAATC AGACATCTTT ACACCTAATT 600  
 TATTTAGTGC CAAAGATATT AAAAGATTG ATATTGATGT AAAACAATAC ACTAAATCAA 660  
 50 AAAAAAATAA ATAAATCTAA TAATGTGAAA TTCCAGTAA CAATAAATAA ATTTGAAAAC 720  
 ATAGTTTCAA ATGAATTTGT GTTCTATAAT GCAAGCAAAA TTACmATTAA TGaTTTAAGT 780

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 357:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 534 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 357:

AAAGTAAAAA TAAATCTCCC TTTTAACTT TCGTTTCTGC CATAGCCATT GCTTCTTCTG 60  
 TGATAGTTGC TACAATATCT TTTCTTTCAC GGTAAAAATG TTCAACTTGT TCTGCTAAAA 120  
 ATGCAGCTTC TTCTTCGACG TCAGTCATCA ACAATTCGCa AGCTAATGAT GCGTCATCTA 180  
 AACGACCTAC AGCATTAAAGT CTAGGTCCAA TAATAAAACC AATTGTTTCT TCATCAATAT 240  
 TGTCATTGTA TCCCGCTTCT TTTAGCAATG CTTTAACAGA GGTCGGACAT TGATCATTTA 300  
 AGACTTTTAA TCCTTGTTtTC ACTAATGATC GATTTTCATC AGTTAAGGAT ACTAAATCCG 360  
 CAATGGTACC TATCGCAACT AATGCTTTAA AATAATCAGG TACATTTtCA ATCAATGCTT 420  
 GTGCTAATTT GTATGCAACA CCTGCACCAC ACAATTGTTG GAACGGATAA TTAAACGATG 480  
 GATGCATTGG ATGTACGATT GCATATGCTT CTGGTAATGT ACTACCAATT TCAT 534

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 358:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3621 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 358:

GGTGAGTCAA ATTAAATGAA TCTAATAAGT CATAACTATC TATTTGTAAT GTGCAACGCT 60  
 TAACGCATAT ACAAATGAA TGTGCTGATA ATGATTACT CAAATTAAAA GGTGATTTTT 120  
 ATTCAATGAT GAATGAAAGT TGCCTTTTTTA TTTTGGTAA AAGTTAATGC GTCAGTGAAT 180  
 TGTGTAACTT TTTCAAAAAG TAAAAAGAAA TAATAAAGGT GAATTATTAG AATTCCAaAA 240  
 ATAATTCATT ACATTCATAA AGCATTTTAC AAATGGTAAG AAAATGAGTG TTACAAATCT 300  
 AAATATTGCA AAAGAAGCTG ATTTAGTCAC AAAAAATGTC CTATGTAATA ATTCGAGAAA 360  
 GATGCACTAT ATACGGTCTT CTTACTATTC AAATGTAAAA GTTGCTTATT TCGTGGCTT 420  
 TTTGTTTTAT AAAAGTATAA AATTTTACTA TAATATATCT TGTAGAGAAC AATGAAATGA 480

	ATAGCAAAC	GTATTACTTT	GATACAAAA	TGGTTGTAAT	AAATATTTAT	CGATATGACG	600
	ACTTGAATAT	GATAAAGTGA	CATATTTATG	TATATGACTA	TTTCGCAAAA	TGTAATCGAG	660
5	GTAGAATTTT	TTGACAATTC	TGTCAGTTTA	TAAGATGTTA	TAAATATGTA	GTGTATAAGG	720
	AGGCAAACAA	GATGACTGAA	GAATTCAATG	AATCAATGAT	TAACGATATT	AAAGAAGGTG	780
10	ACAAAGTCAC	TGGCGAGGTA	CAACAAGTTG	AAGACAAGCA	AGTTGTTGTT	CATATCAACG	840
	GTGGTAAATT	TAATGGGATT	ATTCCTATTA	GTCAACTATC	TACGCATCAT	ATTGATAGCC	900
	CAAGTGAAGT	TGTAAAAGAG	GGCGACGAAG	TTGAAGCATA	TGTCACTAAA	GTTGAGTTTG	960
15	ATGAAGAAAA	TGAAACTGGA	GCTTACATCT	TATCTAGAAG	ACAACCTGAA	ACTGAGAAGT	1020
	CTTATAGTTA	TTTACAAGAA	AAATTAGATA	ATAATGAAAT	CATCGAAGCG	AAAGTAACAG	1080
	AAGTAGTTAA	AGGTGGTTTG	GTTGTTGATG	TAGGACAAAG	AGGTTTTGTT	CCGGCTTCAC	1140
20	TAATTTCAAC	AGACTTCATT	GAGGATTTCT	CTGTGTTTGA	TGGACAAACA	ATTCGTATTA	1200
	AAGTTGAAGA	ATTGGATCCT	GAAAATAATA	GAGTCATTTT	AAGCCGTAAA	GCAGTTGAAC	1260
	AAGAAGAAAA	CGATGCTAAA	AAAGATCAAT	TATTACAATC	TTTAAATGAA	GGCGATGTTA	1320
25	TTGATGGTAA	AGTAGCGCGT	TTAACTCAAT	TTGGTGCATT	TATAGACATT	GGCGGTGTTG	1380
	ATGGTTTAGT	GCATGTATCT	GAACTTTCTC	ACGAACATGT	TCAAACACCA	GAAGAAGTAG	1440
30	TTTCAATTGG	TCAAGATGTT	AAAGTTAAAA	TTAAATCTAT	TGATAGAGAT	ACAGAACGTA	1500
	TTTCATTATC	AATCAAAGAT	ACGTTACCAA	CACCTTTCGA	AAATATTAAA	GGTCAATTCC	1560
	ACGAAAATGA	TGTCATTGAA	GGTGTCTAG	TAAGATTGGC	AACTTTGGGT	GCATTTGTTG	1620
35	AAATTGCACC	AGGTGTACAA	GGACTTGTAC	ATATTTCTGA	AATTGCACAC	AAACACATTG	1680
	GTACGCCAGG	TGAAGTGTTA	GAACCTGGTC	AACAAGTAAA	TGTTAAAATA	TTAGGTATTG	1740
	ATGAAGAGAA	TGAAAGAGTA	TCACTATCTA	TTAAAGCAAC	ATTACCAAAC	GAAGATGTTG	1800
40	TTGAAAGTGA	TCCTTCTACG	ACTAAGGCGT	ACTTAGAAAA	CGAAGAAGAA	GATAATCCAA	1860
	CAATTGGCGA	TATGATTGGT	GATAAACTTA	AAAATCTTAA	ACTATAATTT	AATATTTAAT	1920
	AGTCAACTCC	ACATGTTTAT	GATTGcATGT	GGAGTATTTT	TATGTAACAA	AATATACTCG	1980
45	GAATGATAAC	GTGGgACAAA	TTTAACTAAG	TGTTTAAAAA	GATArAGTTT	TAAGTGctGa	2040
	tTTTTATCAT	TACAGTAATA	AACTCATTTT	GAATACACAG	TCTCATGTGA	TATTATTAAA	2100
	AAGATATaAG	AAAGAGAGGA	AGTTAGCTTA	TGACTAAACC	TATAGTAGCT	ATTGTAGGTA	2160
50	GGCCTAATGT	AGGTAAATCT	ACAATTTTTA	ATAGAATAGT	TGGAGAACGT	GTTTCGATTG	2220
	TGGAAGACAC	GCCAGGTGTA	ACACGAGATC	GTATTTATTC	TTCAGGTGAA	TGGTTAACAC	2280

55

AAATTAGAGC GCAGGCAGAA ATCGCCATAG ATGAAGCGGA TGTTATTATT TTTATGGTTA 2400  
 ACGTGCGTGA AGGATTGACA CAAAGCGATG AAATGGTCGC TCAAATTTTA TACAAATCTA 2460  
 5 AAAAACCGGT CGTATTAGCG GTTAACAAAG TAGATAATAT GGAAATGCGT ACAGACGTGT 2520  
 ATGATTTCTA TTCATTAGGA TTTGGTGAAC CGTATCCGAT ATCAGGGTCA CATGGTTTAG 2580  
 GTCTTGGTGA CTGTGTAGAT GCAGTTGTTT CTCATTTTGG TGAAGAGGAA GAAGATCCTT 2640  
 10 ATGATGAAGA TACAATTCGA CTATCCATTA TTGGACGACC AAACGTAGGT AAATCAAGTT 2700  
 TAGTAAATGC TATTTTAGGT GAAGATCGCG TTATCGTTTC TAATGTTGCA GGGACAACGA 2760  
 GAGACGCTAT TGATACAGAG TATAGTTATG ATGGACAAGA TTATGTTTTA ATCGATACTG 2820  
 15 CTGGTATGCG TAAAAAAGGA AAAGTATATG AATCAACTGA GAAATATTCA GTATTAAAGAG 2880  
 CTTTAAAGC GATTGAACGT TCAAATGTTG TTTTAGTGGT CATAGATGCA GAACAAGGCA 2940  
 20 TCATTGAACA AGATAAACGT GTTGCAGGAT ATGCACATGA ACAAGGTAAA GCAGTCGTGA 3000  
 TTGTCGTAAA TAAATGGGAT ACTGTGGAAA AAGATAGTAA AACGATGAAG AAATTTGAAG 3060  
 ATGAAGTACG TAAAGAATTC CaATTTTATG ATTATGCACA AATTGCTTTT GTGTCTGCTA 3120  
 25 AAGAACGCAC AAGATTACGT ACATTATTCC CTTACATCAA TGAAGCAAGT GAAAACCATA 3180  
 AAAAACGTGT TCAAAGTTCA ACTTTAAATG AAGTTGTTAC TGATGCAATT TCCATGAACC 3240  
 CTACACCAAC AGACAAAGGT AGACGTTTGA ATGTCTTTTA TGCAACACAA GTTGCTATAG 3300  
 30 AACCACCGAC ATTTGTTGTA TTTGTTAATG ATGTAGAATT AATGcATTTT TCTTATAAAC 3360  
 GCTATTTAGA GAATCAAATC CGTGCCGCTT TTGGTTTTGA AGkTACACCA ATTCATATTA 3420  
 TAGCTCGAAA GAGAAATTAA CGATTGGGGG ATAACAATGA CTAAAATTAC CGTTTTTGGT 3480  
 35 ATGGGAAGTT TTGGGACAGC CCTTGCCAAT GTTCTTGCAG AAAATGGACA TGATGTTTTG 3540  
 ATGTGGGGTA AAAATCAAGA TGCTGTTGAT GAATTAAATA CATGTCATAC AAATAAAAAG 3600  
 40 TATTTAAAAT ACGCGAAATT A 3621

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 359:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 643 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 359:

CTTTCGGAAA TTAGGATCnG nGCTATCTTG GCCCCAATTA CCAAGGGAAC TAnTGCCACC 60

AATGCTCTT TCATCTCCAT GCCCTGTTGC TCATTATTAA TAACACGGTC TATTAACACA 180  
 ATGGCATTG TTACTACGAT TCCAATTAAC ATTAGCATAC CAATTAACT TGGTACTGAT 240  
 5 ATTGTTTCTC CTGTGATTAA TAGTGCAATA ATTACACCGA TAACTGTAAA TGGTAAAGAG 300  
 AATAAAATTG TAAATGGTGC TAGGCCACCT TTAAATGTAA TAACTAGGAT TAAATATACG 360  
 ATAATGATTG CAGCTAACAT TGCAAAGGCT AATTGTGTCA TTGCATTGTT AATATCATCT 420  
 10 GATGCACCAC CGATATTAAC CTTTACATTA TTCGGTTTAT CCAAATTATT TATTTTAGAC 480  
 ATCACTTGTC GTGTTGTGCC ACCCACATCT TTATTTGTGA CTTTAGCAGA TACCGTCGTT 540  
 15 GCATAATCTC CTTGTTCTTG CGTCAATTTA CTTGGTGTGC TTGTTTAAAC TAACGTAGCG 600  
 ATATCTCCCA ATTTAATCGT ACCACCAGTC GGCTTTTTCA AAG 643

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 360:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2524 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 360:

TTTCAGGcYg TGCAAGGGCT TTTTCTTTTG CTTTAAAGAT TATGATTTAT CGTGCAAAGT 60  
 30 TAAGTGGTCG TATATAGTTT TAGTTTTAAA AAGGTAATTA AATAAAATAG TTTGCCGAGG 120  
 GAGATGTCAA AATGATTAAA ATACCTAGAG GGACGCAGGA TATTTTACCT GAAGATTCAA 180  
 35 AGAAATGGCG TTACATTGAA AATCAATTAG ATGAATTAAT GACATTTTAT AATTATAAAG 240  
 AAATAAGAAC ACCAATTTTT GAAAGTACAG ATCTTTTTGC AAGAGGTGTT GGTGATTCAA 300  
 CCGATGTCGT ACAAAAAGAA ATGTATACAT TTAAAGATAA AGGCGATAGA AGTATTACAT 360  
 40 TAAGACCTGA GGGAACAGCT GCAGTTGTGC GTTCATATAT TGAACATAAA ATGCAAGGTA 420  
 ATCCAAACCA ACCAATTAAA CTTTATTACA ATGGACCGAT GTTTAGATAT GAACGTAAGC 480  
 AAAAAGGACG CTATCGTCAA TTTAATCAAT TTGGTGTAGA AGCTATTGGT GCTGAAAATC 540  
 45 CTAGCGTAGA TGCAGAAGTA TTAGCTATGG TTATGCATAT TTATCAATCA TTTGGATTAA 600  
 AACATTTAAA GCTTGTATT AATAGTGTAG GGGATATGGC GTCTCGAAAA GAATATAACG 660  
 AAGCGTTAGT GAaACACTTT GAACCAGTAA TTCATGAATT TTGTTGAGAT TGTCAATCAC 720  
 50 GTTTGCATAC AAATCCGATG CGAATTTTGG ATTGTAAAGT AGACCGTGAT AAAGAAGCGA 780  
 TTAAGACTGC ACCTAGAATC ACTGATTTCT TAAATGAGGA ATCTAAGGCA TATTATGAAC 840



## EP 0 786 519 A2

GTGGATTGGA TTATTATACA CATACAGCAT TTGAATTAAT GATGGATAAC CCTAACTATG 960  
 ATGGTGCcCAT TACAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG 1020  
 5 ATGGTCCAAG TGAAACAGGT ATTGGTTTTG CGCTAAGTAT AGAACGATTA TTGCTTGACAC 1080  
 TTGAAGAAGA AGGTATCGAA TTAGATATTG AAGAAAACCTT AGATTTATTC ATTGTTACAA 1140  
 TGGGTGATCA ACCAGATCGA TATGCTGTGA AGCTATTAAA TCATTTGAGA CATAATGGTA 1200  
 10 TTAAAGCAGA TAAAGACTAT TTACAGCGTA AAATTAAAGG ACAAATGAAA CAAGCAGACC 1260  
 GTTTAGGTGC CAAGTTTACA ATCGTTATTG GTGATCAAGA ATTAGAAAAT AATAAAATCG 1320  
 ATGTTAAAAA TATGACAACT GGTGAATCTG AAACAATTGA ATTAGACGCA TTAGTCGAAT 1380  
 15 ATTTTAAGAA GTAGAGAGGG CGTTAAAATA TGAGTAAGAG AACAACTTAT TGTGGATTAG 1440  
 TTAGTGAGGC ATTTTtagGA CAAGAAATTA CATTAAAAGG ATGGGTTAAC AATCGTCGTG 1500  
 20 ACCTTGGTGG ATtGATTTtC GTTGATTtAA GAGATAGAGA AGGAATTGTA CmAGTCGTGT 1560  
 TTAATCCTGC ATTTTCAGAA GAGGCaTTGA AAATTGCTGA AACAGTACGT TCTGAATATG 1620  
 TTGTAGAAGT TCAAGGTACA GTTACGAAGC GTGACCtGA AACAGTTAAT CCTAAAATTA 1680  
 25 AAActGGCCA AGTTGAAGTA CAAGTTACAA ATATTAAAGT GATTAATAAA TCTGAGACAC 1740  
 CACCATTTTC TATAAATGAA GAAAATGTTA ACGTTGATGA AAATATTGTA TTAATAATACC 1800  
 GTTATTTAGA TTTACGTCGT CAAGAGTTAG CGCAAACATT TAAAATGAGA CATCAAATTA 1860  
 30 CACGTTCTAT TCGTCAATAT TTGGATGATG AAGGGTtCTT TGACATCGAA ACACCAGTAC 1920  
 TAACGAAGTC AACACCTGAG GGTGCACGTG ACTATTTAGT ACCATCTCGT GTTCATGATG 1980  
 GTGAATTTTA TGCATTACCA CAATCACCAC AATTATTTAA GCAATTATTG ATGATTAGTG 2040  
 35 GATTTGACAA ATACTACCAA ATCGTAAAT GCTTCCGTGA CGAAGATTTA CGTGCAGATC 2100  
 GTCAACCTGA ATTTACACAA GTCGATATTG AAATGAGTTT TGTAACCAA GAAGATGTGA 2160  
 TGCAAATGGG TGAAGAAATG CTAAAAAAG TTGTAAAGA AGTTAAAGGC GTTGAAATTA 2220  
 40 ATGGCGCTTT CCCACGCATG ACATATAAAG AAGCGATGCG TCGCTATGGT TCTGATAAAC 2280  
 CAGATACACG TTTTGAAATG GAATTAATTG ACGTTTCTCA ATTAGGACGT GATATGGACT 2340  
 45 TTAAAGTATT TAAAGATACT GTTGAAAATG ATGGTGAAAT TAAAGCAATT GTCGCTAAAG 2400  
 GTGCAGCTGa ACAATATACT CGTAAAGaTA tGGGaTGCTT TAACAGAATT TGtaAACaTC 2460  
 ymTGGtGCTA AgGtTAGCGT GGGGTtAAAG TTGTGGGAAG GTGGTTTTGA CAAGGTCCCA 2520  
 50 ATGG 2524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 361:

55

(A) LENGTH: 1507 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 361:

10	TCGTTGAGTA AAAGTCCAGA AAATTGGATG AGTAAACTTG ATGATGGAAA ACATTTAACT	60
	GAGATTAATA TACCGGGTTC ACATGATAGT GGCTCATTCA CTTTAAAGGA TCCAGTAAAA	120
	TCAGTTTGGG CAAAGACTCA AGATAAAGAT TACCTTACCC AAATGAAGTC GGGAGTCAGG	180
15	TTTTTTGATA TTAGAGGTAG AGCAAGTGCT GATAATATGA TTTCAATTCA TCACGGCATG	240
	GTTTATTTGC ATCATGAATT AGGAAAATTT CTCGATGATG CTAAATATTA CTTGAGTGCT	300
	TATCCAAACG AAACAATTGT GATGTCTATG AAAAAGGACT ACGATAGCGA TTCTAAAGTT	360
20	ACGAAGACAT TTGAAGAAaT TTTTAGAGAA TATTATTATA ATAACCCGCA ATATCAGAAT	420
	CTTTTTtACA CAGGAAGTAA TGCGAATCCT ACTTTAAAG AAACGAAAGG TAAAATTGTC	480
25	CTATTCAATA GAATGGGGGG TACGTACATA AAAAGTGGTT ATGGTGCTGA CACGTCAGGT	540
	ATTCAATGGG CAGACAATGC GACATTTGAA ACGAAAATTA ATAATGGTAG CTTAAATTTA	600
	AAAGTACAAG ATGAGTATAA AGATTACTAT GATAAAAAAG TTGAAGCTGT TAAAAATTTA	660
30	TTGGCTAAAG CTAAAACGGA TAGTAACAAA GACAATGTAT ATGTGAATTT CTTGAGTGTA	720
	GCGTCTGGAG GCAGCGCATT TAATAGTACT TATAACTATG CATCACATAT AAATCCTGAA	780
	ATTGCAAAAA CGATTAAAGC AAATGGGAAA GCTAGAACGG GTTGGCTGAT TGTGACTAT	840
35	GCAGGATATA CGTGGCCTGG ATATGATGaT ATCGTAAGTG AAATTATAGA TAGTAATAAA	900
	TAAGGATTCA ATAATGATAT TAAGACGAGT ATGAAAATAG TTAGATTCTA ATTATTTTCA	960
	CTACTCGTTT TTATTTTGAA AATAAGTAAT AATTCAACAA TATTATAAAT TGAACAGATT	1020
40	GTTTGTGAAA TTTTGTATAA TATTAAAGTG AAAAAGTGTT ATAAATTGAT AAATATATGT	1080
	AATTAACAAA AACAAATCAT TTTAAAAAGA AGAGAGTTGT AAGATGATGa AACGATTAAA	1140
45	CAAATTAGTG TTAGGCATTA TTTTCTGTT TTTAGTCATT AGTATCACTG CTGGTTGTGG	1200
	CATAGGTAAA GAAGCGGAAG TTAAGAAAAG CTTTGAAAAA ACATTGAGTA TGTACCCTAT	1260
	TAAAAATCTA GAGGATTTAT ACGATAAGGA AGGCTATCGT GATGATCAGT TTGATAAAAA	1320
50	TGATAAAGGT ACATGGATTA TAAATTCTGA AATGGTTATT CAACCTAATA ATGAAGATAT	1380
	GGTAGCTAAA GGCATGGTTC TATATATGAA TAGAAATACC AAAACAACAA ATGGTTACTA	1440
55	mTATGTCGAT GTGACTAAGG ACGAGGATGA AGGAAAACCG CACGACAATG AAAAAAGATA	1500

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 362:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1216 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 362:

TACATGTTTC	GGATGCTACT	TTATTTAGTT	TGAAGGGTGC	ATTATGGACG	TTAGCGCAAG	60
AAGTTTATCA	AGAATGGTAT	TTAGGATCGA	AGTTGTATGA	AGATGTTGAA	AAGAAAATAG	120
CACGAACTAC	TTTTAAGACA	GGTTATATTT	ATCAAGAAAT	TATTTTGAGA	CCAGTAGATG	180
AAGTTAAGGT	ACTTCTGAAT	GATTTAAAAG	GTGCTGGTTT	CGAATTAGGT	ATTGCAACAG	240
GTCGTCCTTA	TACTGAGACT	GTTGTGCCAT	TTGAAAATTT	AGGATTGTTA	CCATATTTTG	300
AAGCTGATTT	TATTGCAACA	GCAAGTGATG	TTTTAGAAGC	AGAGAATATG	TATCCGCAAG	360
CACGACCATT	AGGAAAGCCG	AATCCTTTTA	GTTATATCGC	AGCTTTATAT	GGTAATAATC	420
GCGATAAATA	TGAATCTTAT	ATCAATAAGC	AAGATAACAT	TGTAAATAAA	GATGACGTAT	480
TTATAGTAGG	CGATTCGTTA	GCTGACTTAT	TAAGTGCTCA	AAAAATAGGT	GCAACGTTTA	540
TTGGAACATT	AACAGGTTTA	AAAGGTAAGG	ATGCTGCAGG	TGAGTTAGAA	GCGCATCATG	600
CCGACTATGT	TATTAATCAT	TTAGGTGAAC	TTAGAGGTGT	ACTAGATAAT	TTGTAATTTG	660
ATTGTTGTTT	GACAGCATAA	CTTGTAGTGA	ATGATTGAAC	CAAAGGTTTC	ATATTGAGTT	720
ACAATGAAAT	TAATAATGAA	AAAATGCCAA	GAAGCAATGG	AAGTAATCCA	ATGTCTTCTT	780
GGCATTTTGA	ATTTACATAA	ATTGTTTATG	ACTGTACCGT	CAATTCAGTT	GTGAAAATTT	840
GATGTATTTC	ACCAACTTGT	TTAAGTTCAT	CAATTATATT	GTTTGAAACA	GGTTGATCAA	900
CGGATAAAAT	CATTAGCGCA	TCTCCGCCCG	CTTCAGTTCT	ACCTAAAGTC	ATAGATGCAA	960
TGTTGATATT	GTATTTACCT	AACAATGCGC	CAGTTTTTCC	TACCATACCT	GGAGTATCAT	1020
TATGATATGA	CACAATTTGA	TATTGATTTG	GCTTTAAGTC	TACAGAAAAA	TTATTAATTC	1080
TAACAATTCT	TGGACCGAAA	CCTGTAAAGA	CAGAAGCGCC	AACTTTAACG	GAATCGCAT	1140
CGnTTGATAG	TTCTACCTCT	AAGTAGTTAC	TAAAACCTGT	CTCTGCTTTA	TTATTTTCAA	1200
TATTTAATGT	CACTTG					1216

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 363:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 867 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 363:

	ATCAAAATAT TTTAAATAAT ATTGATGGTC ACATTGTAAA TrmAATAGAA AATAAATTTG	60
10	ATCAAAATATT ACAAGAACCA TTAAATCCAT TAAATTATGA TACTGTCTAGT GGATTAGCTG	120
	GGATAGGGAG ATATTTTGCTA AATAGAGTAG ATGAGAATGA ATTTAATGTT AAAGCATTAA	180
	AAAGCATATT AGTATACTTT AAAGATATTC AATATTCTAA AAATAGCTGG GTAGTCCAC	240
15	AAGArAGTCA ATTTTGTAGAG TCTGATAAAA ATTATTTTAC TGAAGGTAAT ATCAATCTTG	300
	GCCTTGCA CA TGGaGTGCTA GGACCGATGT CTTTATTTGC ATTATGCGTG ATTAAAGGAA	360
	TTACGATTGA AAATCATCAG CACATATTAA AAGACATGTA CAAATTTATC ATGGACGAAA	420
20	AATTTTGTA CCACGAAAGA TGTTGTCAGC GTTACGATTT AATTTCTGAA CGTAATCATT	480
	TCAATTTTAT TCGGAATGGT TGGTGTATG GCAATACGGG TGTAAATGACG ACGTTGTTTT	540
	TAATCGGCCA AGCATTACAA GATGATGAAA TAATTAAAAT GTCTAAAAAA GTGATGCTAC	600
25	AAGTAGTAAA TGATAAAGAT GAAAATTTAA TAAGTCCAAC TATTTGTCAT GGATTGTCAT	660
	CACAAATATT AATGTTAACA ATTATGAATT TGAATTTTGA ATTAAATGAA GTGTCTGATT	720
30	ATATCACTGT ATTAATAAAT AAACGTATTT CTCATTATAA GGAAGATTAT CTGGTGAATT	780
	TTATAGACAT TAATGAAAAT AAGCAAGATG TATTTAAAAG TAGGAAAGTT GGCCTTTTAG	840
	AAGGTGAATT AGGGGTCATC TAACATT	867

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 364:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 10813 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 364:

45

	TACCTTTTCT TcTAAATCAT TTTATATTTT CCCaCTAATA TCCGcTGtTA ATCaATCctG	60
	ACATCctTGT ATCaCTATGA CAATTAATTG TTAAATACAT GAATTTCTAC ATTTTATGAA	120
50	AAAATCCATT TTTATTACAA TTCAACACTT TATATGACAA CTTCAATTACA GTTACTTTTA	180
	TTGTTGATTG CTTACATTGT TTTCTAAAAA AAATTTGTGA TCATAATTAA CGTTGAATAA	240
	AGAAAAAAAT TAACCTGGGA GATAAAAATG GAATATAAAA AGATACTAAT TCGTTTATTA	300

55

## EP 0 786 519 A2

	CAATCGCATG	CCGCAGTTAA	TTATTATAGT	AAAAACCAAT	GTACATGGTG	GGCATTTTAAA	420
	CGTCGCGCAC	AAGTCGGTAA	ACCTGTTTCT	AATAGATGGG	GCAATGCTAA	AAATTGGTAT	480
5	TACAATGCAC	GTAAATCAAA	ATATGCGACT	GGTCGTACAC	CAAGAAAATT	TGCTGTCATG	540
	CAATCAACTG	CAGGATATTA	TGGACATGTC	GCAGTTGTTG	AACAAGTATA	TAAAAACGGT	600
	AGTATTAAAG	TTTCAGAATA	CAACTTTTAT	CGCCCATTA	AATACAATAC	ACGTGTACTA	660
10	AGCAAAAAGG	CAGCACGTAA	CTTTAACTAT	ATTTACTAAT	CAAAAACTT	CTATCACGAA	720
	CGCTTCAATT	TCCTGTATGC	GTGTGATAGA	AGTTTTTATT	TTATGAAATT	ATATTATTAC	780
15	TTCTACAAAT	TTCAAATTGC	CGTAATTGAA	CGTATATTC	TTCTTCAACT	ATTATTTTCAT	840
	CTTTAGCATA	ATCTATATAT	AAAATTTTAT	GCTATTATTT	AAATAATTCG	CTATAACTTA	900
	ACATACGTTT	TCGATATAAA	CCTTGTTCTA	AATCTCAATA	ATTTTTTGCT	GTTTTTCATCG	960
20	TCATTAGTTA	AAAAATAAT	TAACTGAGT	TTTTGAGACC	TGTTTAAATT	GATGACTCAA	1020
	AACCTTTATC	CCCTTTTCAC	TCGGTTTAAT	TGCTTTAATA	TTTAACACAG	TCTCATTGTA	1080
	ATTTTGCTAC	TAAGTTTGAA	ATATTTTCGAT	TCGAATGTGA	AcATCATTTA	TTATTACTTT	1140
25	CGACAGCTAG	AAAAATATTG	TAAACCAAA	ACTATAATTA	CCACTTTTAT	ATAGAACTAT	1200
	ATATAAATTT	TAACTTTGAG	ACAGAACTGC	TAGTCAGGTT	TATGAATATA	TTTCTTTAGT	1260
	TTACTTGaTA	TACTTATTGG	TAAATCATTa	TTTATTTGAA	GAGCATTtAT	AACAAAAAGT	1320
30	ATAATCCCAG	TTATAGCGAT	TCCATGACCA	TTTTTATCAG	TCAAAGATTc	ATCAACAAAA	1380
	ACTTTTtGAT	AAATTTATAT	ATTTGTATAA	TTTATTATGG	TAGATATCTA	CACCCGTATC	1440
	TATAACAGCT	ACAGTTATCA	TTGCGTCTTA	TCCAAATAGT	TTTTAAGAAA	TAAATATAAT	1500
35	TCATTaATAT	CATGGCTATT	TGTAACGTCA	GtGCTTaAGA	CCTTGTCaAT	TATTGTTTTA	1560
	TCTGTTTCTA	AGAGCCCCCTG	ATTTTCTGCA	TACATATTTT	GTATATCGCT	GTTAATCTCA	1620
40	TTTAATTTTT	TAAATTTTTT	TCTAACCTTT	TTCAAAATAA	AATGCTCTTT	AATTCCATCT	1680
	CTTAAATACA	TATAAATCTC	TATTATAATC	TCCATAAATG	TCATATCTCC	TCTCTCAAAA	1740
	AACATTATAC	TCAATATATT	AAAAATAAGA	AAGGTTTTTT	CAGAATTTTT	AGTATTTTCA	1800
45	GATATTTATT	CTTAAGTATC	TTATTATTAC	TTCTTTTTTA	CGCTAGTGGA	ATAATTAATA	1860
	ATAATTGTAT	TTAAATGCAA	TGCTGTTGTT	CTTTCATACT	TACAAGCAAG	TCATAAGAAA	1920
	TGAGAAATTA	AATTCTTATA	TGATGAATAA	ATGATGACTG	CAGAAGAAAT	TGCTAAAAAA	1980
50	GGAGTGGAGT	GAGGCATTCT	ACTGTTTATA	TTGTAAACAA	ATATCAAAAT	GATAGGAACT	2040
	TGAAGAATCT	AAGACTGTTA	AAATCGAGAC	AAGAAGAAAC	TCGTTCCAAA	TTTGAATCCT	2100

55

	AAAACTTCTA TCACGAACGC TTCAATTTCC TGTATGCGTG TGATAGAAGT TTTTATTTTT	2220
5	GTTTCATATTA ATTTATCTAA GCGCTACGAT GGaCTGACTT AAACTTTTCT TTAAAATCGC	2280
	TATTCGCCAT TTACTATTGT TGTCTAATTT CTTGTAAAAT ATGTTCCGCT GCTTGTGTAT	2340
	TTGCACGGGG TTCTTTTTTC AAAGCTTCAG CTACTTTAGC AATTTTCATCA CCTTTTGCCC	2400
10	CTACAACGAT AGCTAATGAT TTATATTGTA AACTCATATG ACCTTGTTGA ATACCTTCTG	2460
	ACACAAGCGC GCGACATGCT GCAAAGTTTT GCGCTAAACC AACGGCAGCA ACTACATGAC	2520
	CTAATTCTTG TGCTGACTCT ACATTTAGTA GCTCTAATGA AGCTTTAGCA ATTGGTAATA	2580
15	CTTTTGTACC ACCGCCAACG ATTGCCAATG TCATAGGCAC TTCAATTGTA CCAATCAATC	2640
	GTTGACGATC TTGATCGTAA CGCCATGTAG CAATACCACG ATACTGTCCG TCACGACTCG	2700
	CGTATGCATG CGCACTTGCT TCTGCACCAC GCGTATCATT TCCTGTTGCT AAAACAACAG	2760
20	CATGTATGCC ATTCATAACA CCTTTATTAT GTGTTGCTGC ACGATGAATA TCTACTTGGG	2820
	CCAATACAGA AGCACGTTCC ATTGTTTTGG CAACCTCTTC TCCAGTTCTC TCGCCCCCTG	2880
	CTAAATCTTT AACATCAATT TCGCCTTGAA CTTTAAACAAC GGACGCTGTT GCATGATTGG	2940
25	ATAAAATACT CATTAAAATG TCGCTTTGCG GAAATTCATT TTTTAAAAAT GCAGTTATGG	3000
	CCTCTAAAAT CGTATTAAGC ATATTAGCGC CCATAGCATC TTTCGTATCA ACAAATACTT	3060
	TTAAAGATAG TAACTGTTGC TCAGGAAATG TATCAATCGC TATACGTTGG TAACCACCAC	3120
30	CACGCGCTTT AATAGAAGGA TATGCCTCAT CCGCAATTTT ATGAATTTGC TTTTCTAAAG	3180
	CTTTAATGTC TGCTGATAAT TTTTCAGTAT CGTCAACGCC ATCAAAGACG ATTTGACCTA	3240
35	TCATAATACG TTCAGAAGAT ACCGTTTTAA ATCOGCCAGT CTGATTCACT AGCTTTGCAC	3300
	CATAACTAGC TGCAGCGACA ACTGAAGGCT CTTCCACCAT CATAGGTACA ACATATGCCT	3360
	TATCGTCCAC AATGATATTC GGTAATAATC CAACGGGTAA TGCACCTTGC GCGATGACAT	3420
40	TTTCAATTAA ACTATTGGCT ACTTCTTCAT CGATTAATGG ATGATTCAGT AAAATGTGCA	3480
	ATTGTTCTTC TGATAACCAT TGCTTATCAA CCAATTGTTG TAACTTTTCT TTACGAGATA	3540
	AATGTCGAAA ATTCTTATCT AAATTTTGCA TGGACGTACT CCTTTTACTT CACATAATTT	3600
45	TTAACATTTT AATCACTACT ATTTTACCA CAAATAACG TCATTGCTCT TAAAATTCAA	3660
	TTGAATAATT GTCGTTTTGA CTTTAAAATA AAACAAGGTA AATTAAAACG CTTACAAGAA	3720
	ACGACAAATc ATTTTAAAT TTAGTATATT TCTTTGTATA AAATTAGCAT ATTCTGATAT	3780
50	GATACAAGTG TTGCTTTTAT AAATTTGAAA GGATGTAAAA CCTTATGACA ATAGGTATCG	3840
	ATAAAATAAA CTTTTACGTT CCAAAGTACT ATGTAGACAT GGCTAAATTA GCAGAAGCAC	3900

55

## EP 0 786 519 A2

CTGTAAACCA AGACATCGTT TCAATGGGCG CTAACGCTGC TAAGGACATT ATAACAGACG 4020  
 AAGACAAAAA GAAAATTGGT ATGGTAATTG TGGCAACTGA ATCAGCAGTT GATGCTGCTA 4080  
 5 AAGCAGCCGC TGTTCAAATT CACAACCTAT TAGGTATTCA ACCTTTGTGA CGCTGCTTTG 4140  
 AAATGAAAGA AGCTTGTTAT GCTGCAACAC CAGCAATTCA ATTAGCTAAA GATTATTTAG 4200  
 10 CAACTAGACC GAATGAAAAA GTATTAGTTA TTGCTACAGA TACAGCACGT TATGGATTGA 4260  
 ATTCAGGCGG CGAGCCAACA CAAGGTGCTG GCGCAGTTGC GATGGTTATT GCACATAATC 4320  
 CAAGCATTTT GGCATTAAAT GAAGATGCTG TTGCTTACAC TGAAGACGTT TATGATTTCT 4380  
 15 GCGCTCCAAC TGGACATAAA TATCCATTAG TTGATGGTGC ATTATCTAAA GATGCTTATA 4440  
 TCCGCTCATT CCAACAAAGC TGAATGAAT ACGCAAAACG TCAAGGTAAG TCGCTAGCTG 4500  
 ACTTCGCATC TCTATGCTTC CATGTTCCAT TTACAAAAAT GGGTAAAAAG GCATTAGAGT 4560  
 20 CAATCATTGA TAACGCTGAT GAAACAACCTC AAGAGCGTTT ACGTTCAGGA TATGAAGATG 4620  
 CTGTAGATTA TAACCGTTAT GTCGGTAATA TTTATACTGG ATCATTATAT TTAAGCCTAA 4680  
 TATCATTACT TGAAAATCGA GATTTACAAG CTGGTGAAAC AATCGGTTTA TTCAGTTATG 4740  
 25 GCTCAGGTTT AGTTGGTGAA TTTTATAGTG CGACATTAGT TGAAGGCTAC AAAGATCATT 4800  
 TAGATCAAGC TGCACATAAA GCATTATTAA ATAACCGTAC TGAAGTATCT GTTGATGCAT 4860  
 ATGAAACATT CTTCAAACGT TTTGATGACG TTGAATTTGA CGAAGAACAA GATGCTGTTC 4920  
 30 ATGAAGATCG TCATATTTTC TACTTATCAA ATATTGAAAA TAACGTTTCT GAATATCACA 4980  
 GACCAGAGTA GTCGGTGTAT TTAAAACACA TATAATAAAA CCTAAAAGCA GCAGTAAGAC 5040  
 35 CACTTCTAAT TGAAATCGTC TTAGTGCTGT TCTCTATTTA TAACACTTCG TATTGAATGA 5100  
 ATTCATTATG CCTATTTGAC ACATTATTGA AGTTTTCCTA ATGCCTGGAT CCTTTATACG 5160  
 TTACGGCTTC GTGCTATGTT TTGGTACATA AAGCTTTGAC ATATCGATAT TCTCCAACCTC 5220  
 40 TAACAGCTTA ATTTTATTAT TAATCGTTCC ACCGAACCCT GTTAAGCTAC CCGTTTTACC 5280  
 GACAACACGA TGACATGGCA CGATAATAGA TAATGGATTA CTTCCGACTG CACCTCCAAC 5340  
 CGCTTGGGCT GACATTTTTG GCTTGTTAAG CAGCTTGCTT ACTTTTTTGG CAATAGCACC 5400  
 45 ATACGTTGTT AGAGTCCCAT AAGGAACCTG TCTTAATTCA TTCCAAACAC ACTGTTGAAA 5460  
 ATGACTACCT GTTGGCTTTA AAGGTATTGT GATTTCAGGA TTGTCACCTT TAAAATACGC 5520  
 GTCTAACCAC TGTGTCGCTT CTCTAAATAT CGCTAAAGAC GTATTTTCTT CCCTAGTACC 5580  
 50 ATCACCTTGT TGATTTTCAA ACAAACAGC GGTCAGACTT ACCCCATCAC TCAAAAGTTC 5640  
 CAATCGTCCT ACAGGCGAAT CATAGTAACT CTTATACTCC ATAAAAATTC CCCCTTTTTT 5700

55

	ATAAGTCGTC AATTACGTAT ATAAACACGT AATACCAGCT ATCACTTTGC TGCAATATAC	5820
5	AGTTACATAT CTTACTACAC GTGCTAACCT CTTACTTTGT AAACCAAATC TTAAATTAAA	5880
	ATATTGAAAA TGCAATGAAT CCTTAATATT TTATTAAACC TATAATTACT TATTAAAAAT	5940
	AACACACAAT ATTCATAAAG TTTTAAAAAT ATTCTGTTTT ATCACCTACT ATTAGTGGAA	6000
10	AAGTACAATT GCAATTGTAT ATAGTTTGCA TAACGCTTCA AAAGTAATTT CTTTTTTGTT	6060
	TAGTTCAAAA AAATTTAGAG GTGATGTTAT ATGAATAACG GTTTTTTCAA TAGCGACTTT	6120
	GATTCAATTT TTCGAAGAAT GATGAAAGAT ATGCAAGGTT CAAATCAAGT CGGAAACAAA	6180
15	AAGTACTATA TTAATGGTAA AGAAGTTTCA CCTGAAGAAC TAGCGCAACT CACACAACAA	6240
	GGTGGCAATC ACTCTGCTGA ACAAAGTGCG CAAGcTTTTc AACAAAGCAGC ACAAAGACAA	6300
	CAAGGGCAAC AAGGTGGCAA CGGCAATTAT TTAGAACAAA TTGGTCGTAA CCTTACGCAA	6360
20	GAAGCACGTG ACGGTTTATT AGATCCAGTC ATTGGTCGTG ATAAAGAAAT TCAAGAACT	6420
	GCTGAAGTTT TAAGTAGACG AACTAAAAAC AATCCTATAT TAGTTGGAGA AGCTGGTGTT	6480
	GGTAAACTG CGATTGTTGA AGGTTTAGCA CAGGCAATCG TTGAAGGAAA TGTACCAGCA	6540
25	GCAATCAAAG ACAAAGAAAT TATTTCTGTA GACATTTTCA CATTAGAAGC TGGAACGCAA	6600
	TATCGTGGTG CTTTTGAAGA AAATATTCAA AAATTAATCG AAGGTGTTAA ATCTTCACAA	6660
	AATGCCGTAC TATTCCTTGA TGAAATCCAT CAAATTATCG GTTCAGGTGC CACAGGAAGT	6720
30	GATTCAGGTA GCAAAGGGTT ATCTGATATT TTGAAACCTG CATTAAAGTCG TGGTGAGATT	6780
	TCTATTATTG GTGCAACAAC ACAAGATGAA TATCGAAACA ATATTCTTAA AGATGCTGCA	6840
35	TTAACGCGCA GATTTAATGA AGTGCTTGTT AATGAACCAA GCGCTAAAGA TACTGTTGAA	6900
	ATTTTAAAAG GTATTGCGGA AAAATTCGAA GAACACCATC AAGTAAAATT ACCAGATGAC	6960
	GTATTAAAAG CATGTGTTGA CTTATCAATT CAATATATTC CACAACGATT ATTACCAGAT	7020
40	AAAGCAATCG ATGTGTTAGA TATTACAGCA GCACATTTAT CTGCGCAAAG TCCAGCTGTC	7080
	GATAAAGTTG AACTTGAAAA ACGAATTTCT GAATTAGAAA ATGATAAACG TAAAGCAGTA	7140
	AGTGCTGAAG AATATAAAAA AGCTGACGAC ATTCAAAATG AAATCAAATC ATTACAAGAT	7200
45	AAATTAGAAA ATAGTAATGG TGAACATACT GCTGTTGCTA CAGTTCATGA TATTTAGAT	7260
	ACTATTCAAC GATTAACTGG TATTCCAGTT TCTCAAATGG ATGATAACGA TATTGAACGT	7320
	TTAAAAATA TTTCTAATCG TTTAAGAAGT AAAATCATAG GTCAAGATCA AGCTGTAGAA	7380
50	ATGGTTTCAC GTGCAATTCG CCGTAATCGT GCTGGGTTTG ATGACGGCAA CCGTCCAATT	7440
	GGCAGTTTCC TATTGTTGG CCCTACTGGT GTTGGTAAAA CAGAGCTTGC TAAACAATTA	7500

55



## EP 0 786 519 A2

	GACACAACAG CTGTTTCAAA AATGATTGGT ACAACTGCTG GTTATGTTGG TTATGATGAC	7620
	AATTCAAATA CGTTAACTGA AAAAGTACGC CGTAATCCAT ACTCAGTCAT TCTATTTGAT	7680
5	GAAATCGAAA AAGCAAATCC ACAAATTTTA ACATTGTTAT TACAAGTAAT GGATGATGGT	7740
	AATTTGACTG ATGGTCAAGG TAATGTCATC AACTTTAAAA ATACAATTAT TATTTGTACA	7800
10	TCAAATGCTG GCTTTGGCAA TGGCAATGAC GCTGAAGAAA AAGATATTAT GCACGAAATG	7860
	AAAAAATTCT TCCGCCCTGA ATTCTTAAAC CGCTTCAACG GCATCGTTGA ATTCTTACAT	7920
	TTAGATAAAG ATGCATTGCA AGATATCGTC AACTTATTAT TAGACGATGT ACAAGTTACA	7980
15	TTAGACAAAA AAGGTATTAC GATGGACGTT TCTCAAGATG CGAAAGATTG GTTAATTGAA	8040
	GAAGGCTATG ATGAAGAATT AGGTGCACGT CCATTAAGAC GTATTGTTGA ACAGCAAGTA	8100
	CGTGACAAAA TTACAGATTA CTATTTAGAT CATAACAGCG TTAAACATGT GGATATAGAT	8160
20	GTTGAGGATA ACGAATTAGT CGTAAAAGGT AAATAACGAC ACTTTAACAT ATCGCGCATC	8220
	AAAAATGAGC ATCAGGTCGC CCTTGCCTGT GTCATTTTTT TTAATTATTT CCCTGGAAAA	8280
	TGATTCGCTG TGTGCTGTTT TGTTCCACAA CAATCACGAT TAATGTCACA TGTACCACAT	8340
25	TTTCCTTGTT TTGAACGCTT GAAAAATTTT ACTAGTGTAT ATAAGGCATA TCCGAAAATT	8400
	GCTAAAAAAA TTAAAATGTT AATAATGACT GACACTTTAA CCACTCCTTA AACAAATAAA	8460
	TGTCCGACTT GATAAAAAAT GAATGTTAAG ACATATGCAG TGACTAGAGG ATAGGCAACT	8520
30	GCAAGTGCCG TCCATTTCCA TGAATAAGTC TCTTTACGGA TTGCTGCTAC TGTAGAAACA	8580
	CAAGGAATAT ACAATAGTAT AAATATCATA AATGCATACG CAGATAGCGG TGTGAATTGA	8640
35	TTTTGAATCA CATTAAACAAG GCCTGCATCA CCTGATGAAT AGATAATCGC CATCGAACTT	8700
	ACGATAACTT CTTTGTCTAA AAATCCTGGC ACTAACGTAG CACCTGCTTG CCATGTTCCA	8760
	AATCCGAGCG GTTGCACTAA CATAACAAAG AACTACCAA CCATATGTAA AAAACTTTGA	8820
40	TTGATATTCA CATTGATACC ATGTGGTCCT ACATAACTTA ATAGCCAAAT GACTACTGAG	8880
	CCGCCAAAAA TAAATGTACC TGCTTTACGA ACAAAGCCCT TAGCCTTTTC CCAAGTACTA	8940
	CGCCACAACG TTTTAATGGA AGGCACACGG TATGTTGGCA ATTCCACAAT AAAGATTGCA	9000
45	TTATCATTTT TAAAATCGT CTTAGTAAGT ACTGTACTGA CTAAAAATGC CATAATAATA	9060
	CCTAAACAT ACAGGCTTAA TACTACTAAA GATTGATTCT CTTTGAAAAA GATACCTACG	9120
	AACAACGCAT AACTGGCAG TCTAGCAGAG CATGACATGA ATGGTGCAAT TAATATCGTT	9180
50	GTAAACGCT CTTTTTCATT TTCAATACTG CGCGCAGCCA TAATACTCGG TACATTACAA	9240
	CCAAATCCGA TAATCATTGG TATAAAAGAC TTCCCGCTTA AACCGAACGA TTCCATAATA	9300

55

AAAAAGAGCA CAACAATTTG TGGTACAAAG ACTAATACTG ATCCTACACC AGCAATAATG 9420  
 CCATCTGTAA TTAAATCTTG TAAAAATGGT ATAACACCAA GATAATTCAT AATCGTCTTC 9480  
 5 ACACTATCTG TAAATGTACC ACCTATAAAT GCATCGAGTT GATCCGACAA AGGTGTGCCA 9540  
 ATCCATGTAA ATGTAGTTTG AAAGATCAAC CACATAATTG CTAGAAAGAT AGGCATCCCT 9600  
 ATATATTTAT GTGTTAATAT CTTGTCATAT CTAGAGCTGA AATATTGCTT ATCTTCATCT 9660  
 10 GGATACGTTA CCACGTCTTG CAATAACGTC TCAATATAAT GATTGCGTAT ACGCTCCATC 9720  
 TCTCGACGAA CAGATACAGC CCCTACTTGT TCAGCAACTT GATCACGTAA ACTCGACAAT 9780  
 TTATTTACAA CCTCTGAATT AAGTTCGTTT GCAATTTGCA TGTTATTTAA TAAGAATTGA 9840  
 15 ATCGCAATAA ACCTAGCTTG ATACTTATCA TGAGATGTCT CTGTCATTAT TATTTGACAC 9900  
 ATATTTTTAA TTGTCCTCTC AATCTTCTCA CCATAATTGA TTTTAAAATG CGGTTGATAC 9960  
 20 CCTTCCCCTA GATGCTTTAT TTCGCCAAGT AAATATTTTG TTCCTTTGCC TGTACGTGCC 10020  
 ACAACTGGAA AAATAGGTGT TTTTAACTTT TTCATCAATT TATGATAATC GATTTTTATC 10080  
 CCGCGCTTTG TAGCTACATC AATCATATTT AATCCGATGT ATATTGGTTG ATTAAGTTCT 10140  
 25 AACCAATTGA CTGTTAATTG CATATTTCTT TTTAGTTGAC TCGCATCAAC AATGTTAATG 10200  
 ATTCCTGAAA ATGAATCGTT TAATAAATAG TCTGTCACTA CAGTTTCATC TTTAGAAATC 10260  
 GGCGATAAAT CATATGTACC TGGTAAATCA ATTAATTGTC CTACATTTTC TTTAAGTTTC 10320  
 30 CCTACTTTTT TCTCTACCGT TACGCCACTC CAGTTGCCTA TATATTCATA CGAACCAGTT 10380  
 AAAGCGTTAA ACAAAGATGT TTTACCAACA TTAGGATTTT CTAAAATACA ATAATTTTCC 10440  
 ATTCGTCCGG CTCCTATTCT TCTAATGCAA TAGAACAAGC ATCGCAATGT CTAATACTTA 10500  
 35 ACTGTTGTCC GTTTACTTCA ATAATACATG GCCCTTTAAA TAAACATTTT TGTTTAATCG 10560  
 TTATGATAGC GTCATCTGTT AACCCTAAAG CACTTAGACG ATACAACATA TTCTCATTAG 10620  
 CAATATCCAT TCGCTTTATT TTATAAGCCT TATTCATTTT ACCATTTTTA ATGTTTAACA 10680  
 40 TACTATTTTG CTCTCCTATT AGAAATAATA ATCATTATCA CTTAAAAATC ATAACCCCTA 10740  
 AAATTGTAGC TCGCAATACT TTATTTAAAT AATTTTCATT TTTTCATGTA AATTGTGTGAC 10800  
 45 ATTGCAAAAA TGT 10813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 365:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6804 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 365:

	TGATGGATTA GCAGACATTT TACGAGCGAA TGGTTTCAAA GTGTTTGGTC CAAATAAGCA	60
5	AGCAGCTCAA ATCGAAGGCT CAAAATTATT TGCTAAAAAG ATAATGGAAA AATATAATAT	120
	TCCAACTGCT GATTATAAAG AAGTTGAGCG AAAAAAGGAT GCTTTAACAT ATATTGAAAA	180
	CTGTGAATTG CCCGTTGTTG TCAAGAAAGA TGGGTTAGCT GCTGGGAAAG GCGTTATTAT	240
10	TGCAGATACT ATTGAAGCAG CCAGAAGTGC TATTGAGATT ATGTATGGTG ATGAAGAAGA	300
	AGGTACTGTT GTATTTGAAA CGTTTTTAGA AGGTGAAGAG TTCTCGCTAA TGACATTTGT	360
	TAATGGTGAT TTAGCAGTAC CTTTCGACTG TATTGCACAA GATCATAAAC GCGCATTTGA	420
15	TCATGATGAA GGACCAAATA CTGGTGGTAT GGGGGCTTAT TGTCCTmGTAC CACATATTAG	480
	TGACGATGTT TTAAmACTTA CAAATGAAAC AATTGCACAw CCCATTGCAA AGGCAATGCT	540
20	TAATGAAGGT TATCAATTCT TCGGTGTATT ATACATTGGT GCTATTTTAA CTAAAGATGG	600
	TCCAAAAGTA ATAGAATTTA ATGCCCGTTT TGGTGATCCT GAAGCTCAAG TATTATTAAG	660
	TCGCATGGAA AGTGATTTAA TGCAGCATAT TATTGATTTA GATGAAGGAA AACGTACTGA	720
25	ATTCAAATGG AAAAATGAAT CTATTGTAGG GGTCAATGTT GCATCAAAAG GATATCCTGA	780
	TGCATATGAA AAAGGGCATA AAGTAAGTGG CTTTGATTTA AATGAAAACT ATTTTGTTAG	840
	TGGATTAAAG AAGCAAGGTG ATACCTTTGT TACTTCAGGT GGTAGAGTTA TACTTGCCAT	900
30	CGGAAAAGGT GACAATGTAC AAGATGCACA GCGAGACGCA TACAAAAAAG TATCACAAAT	960
	ACAAAGTGAC CATTTATTCT ATCGTCATGA CATTGCGAAT AAAGCACTAC AACTTAAATA	1020
	AGTAAATTTA AAATACTAAG aTTAGCTATG AACGAATCTA TAACGATAGA TTTTTTCATA	1080
35	GCTTTTTTAG TTGTAGAGTC TAGGACATTG ATTTCTGTAC CAAATTTGTG ATTATGCATA	1140
	TGTAATACAA AAGAGGCGCC ACAACATGTT TGGATGAACA AAATAACATG TTTGTGGCAC	1200
40	CTCTTTTGTT TAGTATGGAA TAAATGGTTT TCTTTTCTA TACAATGAAT TTCTAATTTA	1260
	GTATCTATAC AATTATGGAT AAAATTTAAC CTACACGACC AAGACGAACA TCATCTATGC	1320
	CCGTGATGGG TAAGGTGATT GAACAATAAT ATGCCATAGT AATAATGGCA ATTAAACTA	1380
45	TAATAAAGAT TATATCTTTA TATGAGAAAG GTACGTTGTA ATAGTAAGTA CGAGGACCAT	1440
	CTCTAAATCC TTTCGACTCC ATCGCAACTG ATAATTGATG TGCCTTCTA ATATTTTGGC	1500
	TTAATAGAGG TATAATTAAA TGCTTAAATC GCTTTAACCC TCTATAATTT GCCGCGTCTA	1560
50	TCATCTGATA GCGCATTTTT AAAGATCTGC GAAGcTGTAc TAAAGAACTA ATCATTAAAG	1620
	GTATCATACG AATGGCAGCC ATGAATGCAT AAGCAACTTT TGATTTAACC TTTAAATGTT	1680

55

	ATGAAATAGC AATGGTTCTT AATGATACAT GTAAACCACG AACTAAACTT TCTGTTGTAA	1800
	TATGGATAAA TCCGAATTTT AAAATTGTAT GGCTACCATT CCCGTATAAA ATCATGAACA	1860
5	GGGAAGAGAG TAATGCAAAG CCAATACTTA TAGTTATAAA AATTGCTGTA ATTTTAAACT	1920
	GAGTACCATT AAACATCAAT AAGAAAATA ACATTAAAGAT AGTGATATAA AGCATAAAAT	1980
	CGAAATTATG CACAAATATA ATAAAGAAAA ATAGTATAAT TCCAAGAAAT AGTTTCGTTA	2040
10	TAATGTTGAC ATCATCAACA AATGATTGCC GAACTTTCCA TTGCTCATACT ATTCGTATCA	2100
	CCATCACAAT CTAGTAACGC ACCATCTGAA ATTTTAAAGTC TTCTTGATGG ATAACGTTCA	2160
	ATTATTTTCAT CGTCATGTGT AaCCATGACA ATACTTTGTC CCAAATTAAT TCGCTTTTGG	2220
15	AAAAGTTTGA TCAACTGGAA TGTATTATGG CTATCAAGTC CAAATGTCGG TTCATCTAAA	2280
	AAGATAATAT CAGCTTTAGA ACTTAGTGCG GTAGcTACGC TAAGGCGTCG TTTTGGACCA	2340
20	ATAGACAACCT CATAAGGATG TTGATCTTTT ACATTTTGTA AATCTAAAAG TTTTAAAAGT	2400
	TGTATCGTTT CATCATCACT TTGATCTTTA GAAAGGTGAT TAAAATGAAT GTTAATTTCA	2460
	TCATAAACCG AATTTGTTAT AAATTGTAAT TCTGGGTTTT GATAAACTAG GTACATGTGT	2520
25	TTTGCTGCGT GTTTAATTTT TGTTAAACGC TGATTTTCAA AATAAACATC ACCTTGATAT	2580
	TTAATCAATT GCATAATTGA TTCAAGCAAG GTTGTTTTAC CACTACCATT TGCCCCGTGA	2640
	ATTGTAATCC ACTCACCTAG ACCAATTTCT AAATCTGAGA ATGAGAGCAA TGTTGATTTA	2700
30	CCGCGAATAA TACGTCCATT TTTAAATTGT AATAAGTGTG AGTTTGTGTG TGGAAAGTCA	2760
	ACACGACTTG GTGCGAATTC CCATGCACGT GGATGCCACA CACCATATTC ACTGAGTAAA	2820
	TGAACATACT TCTGTAATAT GATTTTCAGGA CATTTCATCGG CAATGATATT TCCGTTATAA	2880
35	TCCATCAAAA TGACGCGGTC GACATGATTC CAGATGTGTT TAACTTTATG TTCAACGATT	2940
	ACAACCGTTT GATCTTCCCA AAGTTCAATT AGTTTAGTCC ATAAATCTTC TGTGCTTGA	3000
40	ACATCTAACA TTGCTGTCGG TTCATCTAAA AACCAATGTTT TTGATTGTTG AAGAATGGTT	3060
	TCAACAATTG CCAATTTCTG TTTTCATCCG CCACTTAAAT CTTTGATATA CGTTTCAGGG	3120
	GTAACATTTA AATTGACCAT ATTTAAAGCA TTGATAATTA ACGCATCCAT GTCTTCACGT	3180
45	GGTAATTGTC TATTTTCTAA AACGAATGCA AGTTCTTCGT ATACTTTTGG CATACAAAAC	3240
	TGGCTATCAG GGTCTTGGAA AATAACGCCA CTTAATGGGT CAACGATTAG TTCATCATAT	3300
	TTCATAGGTA ATTCAATTAA ATTAGGAACA ATACCACTTA ATACATTCAG AAGTGTAATT	3360
50	TTACCGCAAC CAGAAGGACC GAGTAAAGT ACTTTTTCTT TGTCTTGAAT AGTGATATTT	3420
	AAATGATCGA AAATTTTACG TTGACCACTT GGATATTTTA ATCGTAAATC ACTTACTTTT	3480

55

ATTTTGTAC GCCTGTCTTA TCTAAAGCTT TTAATAAAG GTAAGATAGG ACGCCGGCGA 3600  
 CTAATGCACC ACTAATTAAT CTAAATACGA TGAATAATGT TAAGTTCCAA CCTGCAACTT 3660  
 5 CATTAAATA ACCATAGAAA TAATCTATCG GGAAAGCCGC GATTGCTGTA CAAAAACCTG 3720  
 CTAACATAGC TACCATAACT GAACGTGATT GATATTTAAA AATTGCAAAG ACAAGTTCAC 3780  
 ACGCTAAACC TTGTATAAAA GCGTAAACGA TTGTCGGAAT ATCGAAACGA CCCATAATGA 3840  
 10 TAGTTTCGCC GGCACCTGCA GCAAATTCAG CCAGTAAAGC AATACCTGGT TTTGGAATAA 3900  
 TTAGATAGCA GACAATCGCT GCCATGAACC AAACCCCGTT TGTTAATTGT TCGAGGTGAA 3960  
 GGCCTGTAGC TTGCACACCA TTGTAAACAA ACCACCATAA ATTGTAAATA ACTGCGAATA 4020  
 15 CTAATGAAAT AAGTACGGT ACTAGTATTT CAGATAGCTT TAAACCTTTT GACATTTTTA 4080  
 CATCCTCCTA ATAAAAAAC GCACAACCAT CCATAGGAAA GTTATGCGT CACAATATAT 4140  
 20 ATTAGTAAAA CATATGTATA GTAACACTTT CCTACGCTAG TTCAAGCTAG ATCAGGTTCA 4200  
 AAGGGTTTGA GGGCAAGCCT CATCTCAGTA TAAACACCC CTAGTGTGTG CGATTTATTT 4260  
 AATTAATTAT ACTGTAAGAC GTTTGTAAAC TTATGTCAAT AGGTTGTCTT CATGAAATTT 4320  
 25 CGTTTAATTC GATTTAAAAT TTATAATATT AGCATTGGAT TTAAATTGAA GATGTAGTAG 4380  
 GAATGTTAGT AATTAAAGAT ATAAAAATAT GTGACATGTA ATAATATTGA GCTGATAAAT 4440  
 GAAGAGGGAT ACTTATCAAT CATACCTCTT TAACAACAGT GAAGAACCCG TGCATAATGG 4500  
 30 CTTACGAATT ATAGTTTATA AGGAAGAAGA GGGATACATG CGCCGAGCAC ATGCATAAAA 4560  
 GCCCCTAACA ACTAAAAGTT GTAAGGAAGG AGAGGGATAC ATGCGCCGAG CACATGCATA 4620  
 AAATCCCCTA ACAACTAAAA GTTGTAAAGG GATTTAAATT AATTAGTGT ATCTTGATA 4680  
 35 TCTTGTTTTG kTTGaTTAAT ATCTTCTGTT TTTCTTCTT TTTTATCTT TAATTTTTCT 4740  
 TCAACTTCTT TAGCTTTTTT TGCTGCTTTT TTATTTTGAT TTTCATTAGA CATGATTAAT 4800  
 TCCTCCCAA TTGGATAATT ATTTATATAT AAATCTTACC CGGTGTACT TTCGTTAAAC 4860  
 TTTTCTAAGT CTATAGCACT ATTTATTCAT TTATCTAAAG ACAACAACAT TAGATTAATA 4920  
 TATAATGATT TTGAGGTGAA CATAATGTCT TTTCTTAGGA AACACGCCGA AATTATTTTT 4980  
 45 AGCTATTTAA TCGGTmWCGT TcACTCTTCA CTGGKtCAT TATTTAATT AACTTGCCAT 5040  
 TAATTAAACA ATTAAATGGT GGTAAAAAAG TTGATACACA TGTCATAAT GTGTGGGAAT 5100  
 TTCTGAATGC ATTTTTCAGT GAAATTATTA AAGTAATGAG TCGATTTATA GGTAATTTCC 5160  
 50 CtATAGTTAG TGCAATTGTG ATAATTATAT TCGGTATTTT AGTTATGTTG ATTGGTCATA 5220  
 CATTACTTAG AACTATTAAG TATGACTATG ATATTTCTAT CTTTTTCTTA GTTATCGGTA 5280

55

	TTTTCAATTAT	TCCATTTACA	ATTCATATAG	GATATATCGT	CTATAAAGAT	GAATTGAATC	5400
	AGGAAAATGT	AAAAAATCAT	TTCATGTGGA	TAATTGTGAG	TTATGGTATA	AGTTACTTAA	5460
5	TTACACAAAT	TGCATTGTAT	GGCAGAATTG	ATGCTAATGA	AATAGAGTCA	ATTGATATCT	5520
	TAAGTGTCAA	TGCTTTCTTT	ATAATTATGT	GGTTACTTGG	TCAAATGGCT	ATTTGGAATT	5580
	TCTTGTCTTT	GCGCCGAGCT	TTACCTTTAA	CAAAGCAAGA	ATTAGGTGAA	GAGGAGCCAG	5640
10	AATTATCAAG	AACAAGTAAA	GGGAATGTCA	CGAATCAAAC	TAAAATTCAC	TTGAAACAAC	5700
	TCCAAGATAA	GACTACAGAA	TATGCACGTA	AGACAAGAAG	AAGTGTCGAT	TTAGATAAAA	5760
	TTAGAGCTAA	AAGAGATAAA	TTCAAAAAGA	AAGTTAATGA	TATTATCGAT	ATTCAAGAAG	5820
15	ACGATATTCC	TGATTGGATG	AGAAAACCGA	AATGGGTAA	ACCAATGTAT	GTCGAACTAT	5880
	TTTGTGGTGT	CGTCATCTTT	TTATTCACAT	TTTTAGAATT	TAATAATCGT	AATGCATTAT	5940
20	TTGTATCTGG	TGATTGGAAA	TTATCACAGA	CACAATATGT	TATTGAATGG	GTTACATTAT	6000
	TAATTCTGTT	ATTCATTATT	ATCGCATATA	TCGCTACAAC	GTAACTTTC	CACTTGAAAG	6060
	GTAAGTTTTA	TTATTTACAA	TTATTTATGG	GGAGCATTTT	ATTCCTTTAA	TTGTTAACGG	6120
25	AATTTATAAA	TATAATGATT	CATGGACTAT	TACTTTCAGT	GTTCAATTACG	CCAACATTAC	6180
	TATTAATGTT	ATTGGCAATC	ATCATTTCTT	ATTCGTTACA	ATTACGAGAG	CGACCATAAT	6240
	TAAAAGCATT	ATAAAAGTAC	TATCTATTAA	ACATTTTGAT	GTGTACGCTA	TAAGTTAGAT	6300
30	ATATCTCTAA	CTTACTTAGA	TACAGGTCAA	TGAAGTTTAT	GGATAGTACT	TTTTTTGTAA	6360
	CTAGATTTGA	TTGATTCAGG	TGATGTGAAT	TAAGTATTGA	TAATTGTATA	CAAAGTTTTA	6420
	GTGCAAATAA	AATAGTTGAA	AAGTTATCCA	TTTGTAATAA	CAAGAAAAC	AGTAAATAGT	6480
35	TGAAGCGACT	TATGGaATTT	GCGAAACGAT	ATATAGTATT	TCCTTTGTAG	AAATTTmACA	6540
	TATATCATT	AAATTACTAA	TTTGTTAAAA	TCAACAGTAA	GATTAGAAGT	AGATGATATT	6600
	GAAATTTGGC	AAACAaTtTA	ATCTATATAA	AACTACAACG	AAACACAGAA	AGGAAGTTGT	6660
40	CAGATGAAAA	TAGCAACTCT	GAACAAAGGC	AAAGAAACAA	AATATTTTAA	TGGATATCCT	6720
	TTAATTGAAG	AAGAGGATAT	CTATTCACAA	GATCATTTAA	AAGAAGGAGA	TATTTTTCAA	6780
45	ATTGTGACTG	ATAAATCACA	ATAT				6804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 366:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 366:

	aaaAGAGACG CATTaAAACA AGCTATACAA ATTATCGATA AATTAACATG GGGTGTTTAG	60
5	TGGTGGTTAA AGAAATTTTG AGACTATTAT TCTTACTAGC GATGTATGAG CTAGGTAAAGT	120
	ATGTAAGTGA GCAAGTATAT ATTATGATGA CGGCTAATGA TGATGTAGAG GCGCCAAGTG	180
	ACTTTGAAAA AATCAGAGCT GAAGTTTCAT GGTAATAGCT ATTATCATTT TTGAATTAAT	240
10	TATATTAATG TGTGTAGCAA TAGCACTGGA GGTGTTGTAA ATATGTGGAT TGTCAATTCA	300
	ATTGTTTTAT CTATATnTTT ATTGATCTTG TTAAGTAGCA TTTCTCATAA GATGAAAACC	360
	ATAGAAGCAT TGGAGTATAT GAATGCTTAT CTTTTCAAGC AGTTAGTAAA AAATAATGGT	420
15	GTTGAAGGTT TAGAAGATTA TGAAAATGAA GTTGAACGAA TTAGAAAAAG ATTCAAAAGC	480
	TAAAGAGAGG CGTTGGCTTC TCTGCTCTAT CyAAAATAAT GAAAGGAGCC saACATGTTA	540
20	GaCmAAGtCA CTCAAATAGA AACAAATAAA TATGATCGTG ATGTCTCATA TTCTTATGCT	600
	GCTAGTCGTT TATCTACACA TTGGACTAAT CACAATATGG CTTGGTCTGA CTTTATGCAG	660
	AAGCTAGCAC AAACAGTTAG AACTAAAGAA GATTAACTG AGTACAATAA AATGTCTAAG	720
25	TCTGAACAAG CCGATATAAA AGATGTTGGC GGATTTGTCG GTGGATATTT AAAAGAAGGC	780
	AAACGGCGTG CTGGTCAAGT CATGAATCGT TCAATGCTAA CACTTGATAT CGATTATGCA	840
	GCCCAAGATA TGAAGTACAT ATTATCTATG TTTTATGATT TTGCATATTG TTTATATTCA	900
30	ACACATAAGC ATAGAGAGAT AAGTCCAAGA CTGCGTTTAG TGATTCCTTT AAAACGAAAT	960
	GTAAATGCAG ATGAGTATGA AGCTATTGGG CGTAAAGTCG CAGATATCGT TGGCATGGAT	1020
	TACTTCGATG ATACAACTTA TCAACCACAT AGGTAAATGT ATTGGCCTTC AACTAGTAAC	1080
35	GATGCGGAAT TTTTCTTTAC CTATGAAGAT TTACCTTTGT TAGACCCAGA TAAAATATTA	1140
	AATGAATATG TTGATTGGAC TGACACATTA GAATGGCCAA CGTCTTCAAG GGAAGAGAGT	1200
	AAGACTAAAA GATTAGCAGA TAAGCAAGGC GACCCAGAAG AAAAGCCGGG AATTGTTGGT	1260
40	GCATTTTGTA GAGCCTATAC GATAGAAGAA GCTATAGAAA CTTTTATTCC TGATTTATAC	1320
	GAAAAACATT CTAATAACCG TTATACCTAT CATGAAGGTT CAACTGCAGG TGGATTGGTG	1380
45	TTATACGAAA ATAACAAGTT TGCCTATTCT CATCATAATA CGGATCCCGT AAGCGGTATG	1440
	CTTGTAACA GTTTTGATTT AGTACGCATA CACTTATATG GTGCTCAAGA TGAAGAACT	1500
	AAAACAGATA CTCCGGTTAA TCGACTACCT AGTTATAAAG CAATGCAGCa AAGAGCGCAA	1560
50	AATGATGAGG TTGTAAAAA GCAATTAATT AATGACAAAA TGTCTGATGC AATGCAGGaT	1620
	TTCGATGAAn GAGAAAATAG CGATGATGCA TGGTCTGAGA CGTTnGAAAT TACTTCGAAA	1680

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 367:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1847 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 367:

	AAGATTAGGC ATCAAGACAG GGTGCGATT GTTTGAAATC CCACATAGnA ATGATATTTa	60
5	CaTTATCAAT CCaAGTATGC GTAAATATCT TAATGTTTCA GTTGCTATTT CTAAGATTGC	120
10	ATTGCGTTAT ATTCCACCTG AAGATTTACA CCAATATAGT ATTGACGAAT TTTTATGGA	180
	TGTTACTGAT AGCTATCATA GATTTAGTTC TACAGTACAT GCATTTTGCg AAAGACTTAA	240
15	ACGTGAAATT TATGAAGAAA CAGGCATTTA TTGTACTGTG GGCATTGGTT CTAATATGTT	300
	ATTAAGTAAA ATTGCTATGG ATGTTGAAGC GAacCATAGTc AAAATGGTAT AGCTGAATGG	360
20	CGATATCaAG ATGTACCAAC GAAATTATGG CCAATTCmGC CCtTGCGAGA TTTTGGGGT	420
	ATTAATCGTC GAACAGAAGC CAAATTGAAT AAAAGAGGAA TTTTACTAT AGGAGATTTA	480
25	GCGAAATATC CATATAAATT TTTAAAAAAA GAGTTCGGTA TTTTAGGTGT TGATATGCAT	540
	CTACATGCGA ATGGGATAGA TCAGAGTAAA GTACGTGAAA AGCACAAGAT CAGCAATCCA	600
30	TCGATATGCA AAAGTCAAAT ATTAATGAGA GATTATCATT TTGATGAAGC AAAAGTAGTA	660
	ATGCAAGAGT TAATTGAAGA TGTGCTAGC AGAGTTCGAG CAAGAAAAAA AGTGGCAAGA	720
	ACGATACATT TTGCCTTTGG CTATAGTGAT GAAGGCGGTG TACATAAGCA ATATACTTTG	780
35	AAAGATCCAA CAAACTTAGA AAAAGATATT TATAAAGTAG TAATGCATTT CGCAGATAAA	840
	TTATGTAATA AACAAGCACT ATATCGTACG CTAAGTATAT CTTTGAGTCA ATTTATTAAT	900
	GAGGATGAGC GACgTTAAGT CTGTTTGAAG ATGAATACCA ACGCAAACGT GACGAATGTC	960
40	TAGCTAAAAC GATAGACCAA TTACATTTGA AATACGGCAA AGGTATTGTG TCCAAAGCAG	1020
	TATCGTTTAC AGAAGCAGGT ACAAACACG GCAGATTAGG TTTAATGGCT GGACATAAAA	1080
45	TGTAATGACT ATACGGTTTA AGTAATATAT AACTGTGATT CGTATAAAAT AAGTCTCTAA	1140
	AGATAAATAT TTCATATATC ACAATAGATT TTCACAATAA TATCTAAGAA TACATGGAAT	1200
	TTATCAAAAG AGACTTAATA ATTATTGGAT ATAACAATCA AAATCACTCA ATGCTTGCAT	1260
50	ACCGCGTTCT CGGTCAGTAG GGTTTTTGAA ACTAATTTTT AAAGCACCGT ATATATCTTC	1320
	GCGTACTTCT AAGATTCTTA AGTTGCTTAT AGATATGTTA TGTAAACTCA GGATATAAGT	1380



EP 0 786 519 A2

TAGTCCACCT AGTTGTTTAG CGGGTAGTGC GTCGCGATAC GATTTAGCTT GGGCAAAAAA 1500  
 TGATAACAAT TTTTCAGAAT CATTGCTTTC AATTAGTCTT TCTAAATCTT GAAACTGACT 1560  
 5 TTTTAGCTGT CGAATCATTT CTAAAATATA CGTTTTATTA CTCAAGGTGA TATCTTTCCA 1620  
 CATTGTGTGCA TTACTACTAG CTATACGAGT GATATCACGA AAACCACCAG CTGCAAGTTT 1680  
 ATTAACATAA TGATGTTCTT GACCGTTCTT TTGACTAACA TGAACATAAC TAGATGCAAC 1740  
 10 GATATGAGGT AAATGACTTA CGACGCTTGT TACGTAGTCG TGTTCTTCAG CAGTAGTTAC 1800  
 AATAAATTTA GCAAGAGTAG GTGATAACAG TTCTTTTAAC GTGTTTG 1847

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 368:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 494 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 368:

AACAAAAGGC ATAAGTTCGT GAATTAATGC GTATACAAGG ATAAAGCTTA TAACAGTAGT 60  
 AATTGTTGCT ATCAAACGAA CAACATATAT TCTATTTTCA GATAGCAATC GATTCACTAA 120  
 TCGATAATTT ACGTATACAA GAATTAACAA CAGCACAATA TAAACAATAA TCATATTTGG 180  
 30 CCCCATTTAA TTTTAAATT TGTTTTCA CA TCAATTTTCTA CTTTATTATC ATACTAATTT 240  
 TAAAGGCAAA GGTGGACATC GGCAACCTCT CGTAAACTAT TTATCAAAAA TAAACGTATC 300  
 TCATTGTTAT GATATTTATA AATCAATTCG TTTTATTAA AGTCTTTTTT C AACAGTTTG 360  
 35 TCACATCTA TTAAATAATC ACGCATGCAT CCTTTTAAGA AATCATCTTT ATAACCTGGT 420  
 GTGTACCATT TTCCATCCTC TTCAATGACA ATGTTGCCAA TATCAAATTC AAGGACCTTG 480  
 40 CCGTCCTCTG AAGT 494

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 369:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2518 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 369:

GTCCATATTT CCCGTCCAAC CAACTAAAAA TGGGTAAATC CCTGGATTTa AATCTACTTC 60

	GATAATTTCh	AATGTAGCGA	CCATCATTAC	GAGATGATTT	GATATAAGCA	CAGTTTGGAT	180
	GTTGACCAAT	ACTATCGCCT	TCTTCTTCGA	TGATATCTAT	TTTAATACCA	TCATCAGCTG	240
5	CAATTTCTAA	TGAAGATTTA	ATTGCGTTAT	CAAATGTTGA	ATATCCCATT	GCTCCACCCA	300
	CAATAGCGAC	ATCTGTACCA	TGTCCTTGGT	GTGTTTGAGC	AAATGATTCA	TAATAATGTA	360
	TTTCAATATT	TTTAGGAATA	TCTCCCAATA	TTGCGCGTGC	TGAATTCCCA	ATCTTTACTG	420
10	CACCAGCCGT	ATGAGAACTT	GAAGGGCCCCA	TCATAACTGG	TCCGATAATA	TCGAAAGCAC	480
	TTTGATAATC	ATAGCTCTTT	GCCATAATTA	AACACTCTCC	TTAATATGAT	TCTTTTGTCT	540
	CGGCATTTTA	AAGTTGATAT	TCATTAAATT	AAACTTATTA	ATTAGTGTTT	CAATAATATA	600
15	GGCTAAGACA	ATGCTGACAA	TAATCACTGT	TGCGATTGTT	ACAATTGATG	TCACTGCATT	660
	ATTAAAGCCA	AACAATACGA	TGGCGCCTGC	AATTGGTGTT	GCCATACCTT	TGACACCTAT	720
20	TACTAGTCCG	CTAAATGTCA	CGATACATGC	GTTGACGACC	CCAATCAGTG	CATTTGTACC	780
	ATATAGTTGT	ACTGGATATT	GCGCTATTAA	ATCAATTTGC	GTCAATGGCT	CAATACAAAC	840
	TGCAAATGCT	TTTGACGGTC	CACCAATGTT	TAATTTTCGG	AATAAAATAA	GGTTAAACAA	900
25	TGAGCTACCT	GTACATGTTA	GTGCTCCAAT	AGCCATAGGA	ACACCTGTCA	GTCCTAATAA	960
	ACTTGTTAAT	ACCATTGAAC	TTAGCGGTGT	CATACCTGTA	ACAGGAATCA	CTAGTCCTAA	1020
	AATGACCGCT	AATGCATATG	GATTGTTATC	ACCTACCGCA	GTGACAGCAC	TACCTATTTG	1080
30	TTTTAATGTT	GCTAGCACAC	CAGGTGTAAT	GATTGATGCA	AGTCCGAAAG	CAATTGCTGG	1140
	TGCAAATAAG	ATCACCACAA	TTAAGTCCAA	GCCTTCTGGA	ACTTTCTTTT	CAATCCATTT	1200
	AATTAAAAAA	GcTACGCCAT	AAGCTGCGAT	GAATGCTGGT	AATAATTTAA	AGTCATGTAA	1260
35	TACTAAACCA	ACAATGACCG	CAAATACTGG	TGCAACGCCT	AAGTTTAAGC	ACGTTAGAAT	1320
	ACCTACTGcG	ATACCGCTTA	AACTTCCTGC	TAAATCCCCA	ATATCTTGTA	GAAATTTAAT	1380
40	ATCAAATACG	CCACCAATAG	CATAACTTAA	GAATGCTTGT	GGTAGAAATG	TCGCACAAGC	1440
	TGCACCGGAT	AATGCTTGTA	GTCCTTGTTT	ACCGTACGGT	GCATACTTTA	AAAATAGCGT	1500
	CATGATCACT	AAAACCAAGA	CTAATGTGCC	TACACCTAAC	AGAATATCCA	TTTCCCAAAA	1560
45	ACCTCTCTCT	ATGTTTATTT	TATTTTCAGA	CCATAACAT	CGTACACCCT	TAAGAAAACG	1620
	TTTTCAACTT	TTATCTGTTA	TCAAATCaAA	TATTTAAGTG	AAATATTTCA	TATTTGTGAA	1680
	AGATTTTTAA	AATGGATTGT	TTCAAAAAC	ACTTATGTTG	TCGTAAATAT	TTACTAATTA	1740
50	ACTTTTFACT	CTATATTTCA	AACAGTTGTG	TGACAGTTTT	TTGATAACTT	TTTTACATCT	1800
	GAAAGTAAGT	AATATTTCTA	AAAACTTTTA	ATATTTATAC	ACTTTATCTT	TCGAGCTATT	1860

55

ACACATATAT TTGCAATAAG ATAATTAAAG TAGGATATTA TTTTtagTTT TCTGATAGGA 1980  
 ATGATGATAG TCTATAGGTT GAATCTTTAC TTTTTTTTAA AGCTAAATTT ACATCAACTT 2040  
 5 AACAAATGGTT GGTtATACTG AAGATGAAAA TATTTAGTAT AACTTAGTGG AGGCGATAAA 2100  
 GGTGCAATTG AGTCATTCCG TTAAAGTTGC AATTTCTATC TATTTAGCAC TTATCTTTAT 2160  
 AACGTTCACT TCTTATTTAG TCATTATTTT ATATACGAGT ATGACTGGAC ATGATGTATC 2220  
 10 ACATTTCTGT TTAGATAGTC AGCATTCTCA TCATGGATCT CTTACGCAA AACATTTGAG 2280  
 TCTTCCTGAA ATCTCATTTA AATAGTTTAT CCTCTGTGTT TCAACATTCA TTTCCCATAT 2340  
 CGATTCATTT ATCTATCATC TAGACCACTA CATCTTAGAT GATTTTTTTA TTTTCTCATT 2400  
 15 TCACTCTTTC TTAAAAGTCG ATATAATGAA TTAAATCATT ATCATACACC GACATATTTT 2460  
 ATGTTGTTGG TGTTAAGTTT aaAGGGGTGA GATACTTGGC GAATaATCaT TCAGCTTT 2518

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 370:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 790 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 370:

30 ATACTACTGG ACCGTCnACC AATTGACAAA ACCTGAAAAC TGGATTTTTTA TTGCAGGATT 60  
 ACATCGAACC TGGAAGAACA ATCCCCAGGA GTTGATGATA TTGAGATAT GGCATACAAT 120  
 CAAGGTAGTT TAGATAAGAC AATTTATGAA ATTTCTAAAC GCACAGTACT ATTTTAAATA 180  
 35 CAGAAAGATA TTACGGTATA TAATAAGACG ATTGACTGTT TAAATTATTA TAACTATAGT 240  
 GACGAAAGAA TAAAGGATGA TTAAATGAAT TCACAAGAAT TATTAGCAAT TGCTGTGGAT 300  
 GCAATTGACA ATACCCCAGG CGAAGATACG ATTTCTTTAG AAATGAAAGG TATCAGCGAT 360  
 40 ATGACAGATT ATTTTGTGTG AACGCACGGA AATAATGAAC GACAAGTTCA AGCGATTGCT 420  
 AGAGCGGTGA AAGAAGTAGC CAATGAACAA AATATAGAAG TAAAACGTAT GGAAGGATAC 480  
 AATGAAGCGC GTTGGATATT AATTGACTTA GCTGATGTTG TGGTACATGT TTTCCATAAA 540  
 45 GACGAAAGAA ATTATTATAA TATTGAAAAG TTATATCAAG ATGCACCATT AGAATCATAT 600  
 AGTCAGGTTG CGTATTAATT ATGTCGCAAT ATGCAGAAAT GAGCCTAGTG TACGATCAAT 660  
 50 TGACTCAAGA TCAACCATAT GAAAAATGGT TTGAAATTGT AAAAAATCAC TGCAAAGATG 720  
 AATCAAATAT TTTAGATATT GGATGCGGTA CTGGTAGTTa ACAGTTCAAT TAGAAGCTTT 780

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 371:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1823 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 371:

	ATAGATGAAG GTGCAAATAT TGAAaTAGGT TATTTACCTG GACGCTTGAA ATGGTTAGTT	60
5	GCTGATTTAT TAACTAAACA AGGATTAAAA GTAGTTAACG ACGATATGAC AGGAAGAACG	120
10	TTAAAAGATC GTAAATTATT AACAGGTGAC AGTCCTTTAG CTTCAAATGA GTTAGGAAAA	180
15	TTAGCAGTTA ATGAAATGTT AAATGCAATA CAAAATAAAT AATTAAATAT TAATTAGAGG	240
20	AGCCTCATAT GTAAATGTAT GAGGGCTCTT TTTTTTGGCA AAATTTAAGT GATACTTGTA	300
25	AAATAGAACC TATTATGAGT ATGATTTAAG AAAACGCTTG CAAACTAAT AACCGCAACT	360
30	AGCGATATGG AGGAAACATG ATGTCTTATA GCATTGGAAT TGATTATGGA ACTGCTTCAG	420
35	GCCGTGTGTT TTTAATTAAT ACAACTAACG GTCAAGTAGT ATCAAAATTT GTGAAACCAT	480
40	ATACACATGG TGTCATTGAG AGTGAATTAA ATGGTTTGAA AATACCACAT ACATATGCAC	540
45	TTCAAAATAG TAATGATTAT tTAGAAATTA TGGAAGAAGG AATATCATAT ATAGTACGTG	600
50	AATCAAAAAT AGATCCAGAC AATATAGTAG GTATTGGTAT AGACTTTACT TCATCTACTA	660
55	TTATTTTTAC TGACGAAAAC CTTAACCCGG TACATAACTT AAAACAATTT AAAACAATC	720
	CACATGCGTA TGTGAACTT TGGAAACATC ATGGTGCATA TAAAGAGGCA GAGAAATTAT	780
	ATCAAACTGC TATTGAAAAT AATAATAAGT GGTTAGGCCA TTATGGATAT AATGTTAGTA	840
	GTGAATGGAT GATTCCCAA ATAATGGAGG TCATGAATCG AGCACCAGAA ATTATGGAAA	900
	AAACGGCTTA TATTATGGAA GCGGGCGATT GGATTGTAAA TAAATTAAC TATAAAAATG	960
	TACGCTCGAA TTGTGGATTA GGTTTCAAAG CATTTTGGGA AGAAGAAACA GGGTTTCATT	1020
	ATGATTTATT TGATAAAATA GACCCCAAAT TATCAAAAGT AATTCAAGAT AAAGTATCTG	1080
	CACCGGTTGT TAATATTGGT GAAGCAGTAG GGAACTGGA TGATAAAATG GCACAGAAAT	1140
	TAGGATTATC AAAAGAACT ATGGTAAGTC CTTTTATTAT TGATGCCCAT GCTAGTTTAT	1200
	TAGGTATTGG GTCTGAAAAA GATAAAGAAA TGACTATGGT GATGGGAACA AGCACATGCC	1260
	ATCTTATGTT AAATGAAAAG CAACATCAAG TGCCAGGTAT ATCAGGTTCT GTAAAAGGAG	1320
	CAATTATTCC AGAATTATTT GCTTATGAAG CGGGGCAATC AGCAGTAGGT GATTGTGTTG	1380

EP 0 786 519 A2

	CTGTATTGGA ATTAATGAAT GAAAAGATAA AACATCAAAT GCCAGGTGAA AGTGGGCTCA	1500
	TTGCTCTTGA TTGGCATAAT GGAAATCGAA GTGTATTAAG TGATAGCAAT TTAACAGGTT	1560
5	GTATCTTTGG ATTAACCTTA CAAACTAAGC ATGAGGATAT TTATAGAGCm TATTTaGaAG	1620
	CTACaGCATT TGGTACTAAG ATGATTATGC mACAGTATCA AGATTGGCAT ATGgaAGTAG	1680
	aAAAGGtATT TGCaTGTGGc gGTatACcTA AAAAGAATGC TGTTATGATG GATATCTATG	1740
10	CGAATGTACT GAATAAAAAA CTAATTGTTA TGGATAGTGA GTATGCACCA GCAATAGGCG	1800
	CAGCAATATT AGGTGCAGTC AGT	1823

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 372:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1600 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 372:

25	ACGATCATCT GCATCAGCGA ATTCCGATGc AaTTcATATG tCCtAATAAC AAAAGAATAG	60
	GTTTtaAAAAG ATATGCATAC CGTAATGaTA GATATAGTTT TAAACGTGAC TTCAAGCTAT	120
	ATGaATGTGA TGACTGTTCA TCATGTTCTT TGAGACATCA ATGCATGAAG CCAAATTCGA	180
30	AATCCAATAA GAAAATTATG AAGAATTATA ATTGGGAATA CTTTAAAGCC CAAATTAATC	240
	AAAAGCTTTC TGAACCAGAA ACGAAAAAAT CTATAGTCAA AGAAAAATTG ATGTAGAGCC	300
	TGTTTTTGGa TTTATGAAGG CTATTTTGGG TtTCACTCGA ATGTCAGTTC GGGAATAAAT	360
35	AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA ATGGCACTTA ATATAAGGAA AATAgcaGCT	420
	CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAAATAAT	480
	AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA CTTTAAGGAA CTTAATGTCC CAAGCTCTTT	540
40	TTTGTATAT CTAAATCGTA ATTTATGATT GTTTATTCGG TCCTTTGATG TTTACTAAAT	600
	GTGACTTTAA ATCTTGTCTT AATTGTTGTA ATTCTTTTTC AGCTAATTGT CGTTCTTCGC	660
45	GACCGTGTG TTGAATAATT AATGTTTCTT CAATTGTCTC AATAATGTTA CGCTGTGTAC	720
	GTTTCAATGT ATCAAGATCA ACAATGCCAC GCTCATTTTC TGTTGCAGTT TCAATCGCAT	780
	TTTGTTTCAA CAITTCAGCA TTTGCTGTTA ATAAATCATT AGTTGTATCA GTGACAGCTC	840
50	GTTGTGCAGC AACTGCATTA CGCTGTCTCA TTAATGTAAG CGCAATGGCC ATTTGATTTT	900
	TCCATAGTGG AATACTTGTC AAAATTGAAC TTTGTATCTT CTCGGCAAGT GCTTGATTAA	960

AGTCATATAT GCGTTTATCT AGTCTATCTA TAAATTGCTG CATATCTGCA ACTTGTGAA 1080  
 TATCCATTG ATTAGTGGAT TgtGCGCTTG CTGTTGCAAT TGTGGTAGCT TTTCATTTTC 1140  
 5 TAATTGCAAC TTTTTTTGcT GTGCAGCAAT GATATGCAAT GATAAGTCAT CAAAGTATTG 1200  
 TTTGTTTTTA TCATATAGCG TATCTAATAA TTCAATATCT CTTGTAAAT GTGTTTGATG 1260  
 TTTCTGCAGT TGAATCGTTA TGCGATCGAC TTGAGCACTA ACTGATTGCA TTCTTGAAAA 1320  
 10 GATTTCAATTG ATAGACGACT TTGCTCTGCT AAAAAATTCTT TTAAACATAG ATGGTTTATC 1380  
 AGTATTTAAC TCATTTGGAT TAACTGACTT TAGTTTTGAC ATTAGATCTG ACAAAGTATC 1440  
 15 TCCAATAGGA CCAACATCTT TACTTTGTAC TTCATCCAAC ATTTGATGTG AAAATTGAGA 1500  
 CATTGTGTTT TGKAAATCAG AACCAAACGC TAATAAACCT TCATTGTCTA AAGGGTTAAT 1560  
 TTGTTTACTG ATTGTGTCTA CCTGTTTTTG TGTTTCAATT 1600

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 373:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1227 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 373:

30 ATGTTGATAA TGGTAGCTTC TACAAGAATA AAGACCAACA AGTTGGTGCA ACAATTCTTG 60  
 aTAGTAAAC TGGTGGTTTA GTTGCTATAT CTGGTGGACG TGATTTCAAA GACGTCGTTA 120  
 ACAGAAACCA AGCAACAGAT CCTCACCCTA CTGGTTCATC TTTAAACCT TTCTTAGCGT 180  
 35 ATGGACCTGC CATTGAAAAT ATGAAATGGG CAACAAACCA TCGGATTCAA GATGAATCTT 240  
 CATATCAAGT TGATGGTTCT ACATTTAGAA ACTATGATAC GAAGAGTCAC GGTACTGTAT 300  
 CTATTTATGA TGCTTTACGA CAAAGTTTCA ATATCCCAGC TTAAAAAGCT TGGCAATCAG 360  
 40 TTAAGCAAAA TGCTGGTAAT GATGCACCTA AGAAATTCGC TGCCAAACTT GGCTTAAACT 420  
 ACGAAGGCGA TATTGGTCCA TCTGAAGTAC TTGGTGGTTC TGCTTCAGAA TTCTCACCAA 480  
 45 CACAATTAGC ATCAGCATT GCTGCAATCG CTAACGGTGG TACTTATAAC AACGCGCATT 540  
 CAATTCAAAA AGTAGTTACT CGTGATGGTG AAACAATCGA ATACGATCAT ACTAGCCATA 600  
 AAGCGATGAG TGATTACACT GCATACATGT TAGCTGAGAT GCTAAAAGGT ACATTTAAAC 660  
 50 CATATGGTTC TGCATATGGC CATGGTGTAT CTGGAGTAA TATGGGTGCT AAGACAGGTA 720  
 CTGGTACTTA CGGTGCTGAA ACTTATTCAC AATATAATTT ACCTGATAAT GCAGCGAAAG 780

EP 0 786 519 A2

	AAGTTAAACA ATATGGTGAA AACTCATTTG TGGACATAG CCAACAAGAA TATCCACAGT	900
	TCTTATATGA AAATGTGATG TCAAAAATTT CATCTAGAGA TGGCGAAGAC TTAAACGTC	960
5	CTAGCTCAGT AAGTGGTAGT ATCCCATCAA TCAATGTTTC TGGTAGTCAA GATAACAACA	1020
	CTACAAATCG TAGTACACAC GGTGGTAGTG ACACATCAGC AAACAGCAGT GGTACTGCAC	1080
	AATCAAATAA CAATACTAGA TCTCAACAAT CTAGAAACAG CGGTGGATTA ACAGGTATAT	1140
10	TCAACTAATC CACTCAACAT AAAATCCTCA GTTATACCAT ATTTATGGTG TAGCCGAGGA	1200
	TTTTTTTAGG TTCTTCATCT TTTATGG	1227

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 374:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1953 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 374:

25	CCATATGGtG CAACATTCTT CGTATTTAGT GATTATTTAA AACCAGCGTT ACGTTTATCA	60
	TCAATTATGG GATTAAATgC aACGTTTCATC TTCACACATG AyTCaATTGC AGTAGGTGAA	120
	GATGGTCCTA CTCATGAACC AATTGAGCAA TTAGCTGGAT TAAGAGCCAT TCCAAATATG	180
30	AATGTTATCC GTCCTGCTGA TGGTAATGAA ACAAGAGTAG CATGGGAAGT TGCCTTAGAA	240
	TCTGAATCTA CACCTACTTC ATTAGTATTG ACACGTCAAA ACTTACCGGT ATTAGATGTA	300
	CCAGAAGATG TAGTTGAAGA AGGCGTTCGA AAAGGTGCCT ATACAGTTTA TGGCTCTGAA	360
35	GAGACACCAG AATTCCTATT ATTAGCTTCA GGTTCAGAAG TTAGTCTTGC AGTTGAAGCT	420
	GCTAAAGATC TGAAAAACA AGGTAAATCA GTACGTGTTG TTTCAATGCC TAACTGGAAT	480
	GCATTTGAAC AACAACTCTGA AGAATATAAA GAATCAGTTA TTCCATCAAG CGTAACAAAA	540
40	CGTGTGTGCGA TTGAAATGGC TTCACCGCTT GGATGGCATA AATATGTAGG TACTGCAGGT	600
	AAAGTTATTG CTATTGACGG CTTGGCGCA AGTGACCTG GCGATTTAGT AGTTGAAAAA	660
45	TATGGATTTA CAAAAGAAAA TATCTTAAAC CAAGTTATGA GCTTATAAGA ATAATTTATA	720
	AAGCGAGTAT GTTTAGAAGT CTAGGATGCA TAATCTTAGG CTTCTTTTAA AGTGTGAA	780
	TTTAGAGTAT AGCACTTAAA CTACATCATA AGTGATAAGT TATGAAAGTA TACTATTTCA	840
50	GATTAATCTT TAAAAGCTCT GTTATAACAG CATGATTTTT GATATTATTT TTAGTATCGA	900
	TATTAAAATA CTTGAATAAA CTAGTTCTTG AAATAATGTG ATGAATTTAG TAAAATTCAG	960

TGCATTAATT TTAGGTTTAA TTGGAGGTTT CCTTTTAGCT AGAAAATATA TGATGGACTA 1080  
 CTTGAAGAAA AACCCACCAA TCAACGAAGA AATGCTTCGT ATGATGATGA TGCAAATGGG 1140  
 5 TCAAAAACCT TCTCAGAAGA AAATTAATCA AATGATGACG ATGATGAATA AAAATATGGA 1200  
 TCAAAATATG AAGAGTGCGA AAAAGTAAAT TCGCAATTGA TAGAGGCTAT TTTCCAGATA 1260  
 TGAAAATGGC CTCTTTTAT AATCAAATTA ATAAGAATAA ATATGTTTAT TAAAATTAAA 1320  
 10 GTTAACAAAA TGACGAATAG ACTGAGAAAT GCTATAATTC ATTTTGTATG ATTTACAGAG 1380  
 AGTTTATTTA ACGAGAAGGT GTCyGCGTGC TCTATTTAAT ATTTTCAATC ATTGTAGCTT 1440  
 TATTTATGGG AACTATAGTT ATAGTTATTC GTATGAAAGC TCAAAATTAT CCGGTAAAG 1500  
 15 AGAAAAAAT AGTTTGGCca CCgTTTTTTA tGGCgACCGG TGCATTGATG TACGTCGTTT 1560  
 CaTATTTTAG GCTAACAGGA TCGGAAATGC TAGAAGCCTT TATAATTGGT TTGCTTTTTT 1620  
 20 CcACAGTTCT AATTGGACT TCTCGATTG AAGTCAAAGG TACAGAAATT TATATGAAAC 1680  
 GATCTAAAGC ATTTCCAGTT ATTTGATTT CATTACTTAT CATTCTACT GTGATGAAAA 1740  
 TATTCATTAG TAATGAAATA GATCCTGGAG AATTAGGCGG CATGTTCTTT TTATTAGCAT 1800  
 25 TCTGTATGAT TGTTCTTGG AGAGCAGCAA TGCTATATAA ATACAAAAAA CTAAAGAAAA 1860  
 CATTAAATCAA TTAATTACTT TTaAAACCAC TTGTGATCGA CTTCTAAATC AGTCAATGAG 1920  
 TGGGTTTAAT nTTACTTGGa AAAGGnGGAA AGG 1953

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 375:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3787 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 375:

ACATTTGATC AAnTTATCGA CATTAAAGAT GAATTCaNTT GATCGTnTCA ATGATTATCC 60  
 TGTGAAGTA GCACGTTTGC TTGATATAGT GGAmATaAAA GTACACGCAT TACATTCAGG 120  
 45 TATCCACGTT GATTAAAGAT AAAGGGAAAA TAATTGATAT TCATTTATCT GTAAAAGCCA 180  
 CTGAAAATAT TGATGGCGAA GTGCTGTTCA AAGCAACACA ACCTTTAGGT AGAACAAATGA 240  
 AGGTTGGTGT TCAAAATAAT GCAATGrCAA TTACTTTAAC GAAACAAAAT CAATGGCTTG 300  
 50 ATAGTTTGAA GTTTTTAGTT AAGTGCATTG AAGAAAGTAT GAGAATCAGT GATGAAGCAT 360  
 AAAGAAGCAT TTAATGGCGT TGTCGTGTTA ACTGCTGCAT TAATTGTCAT TAAAATTCTG 420



EP 0 786 519 A2

	CAACAAGTGT ATCCAATTGT AGCATTAGGA ATGATATTAT CGATGAATGC CATTCCCTAGT	540
	GCAATTACAC AAAATATAGG GAAGTATCAT AGTGACGAAG CATATGCAA AGCAGTCGCT	600
5	TATATACAAT TAGTTGGTAT ATTATTATTT ATTGCTATTT TTGTGTTTGC GAACAATATT	660
	GCACATATGA TGGGTGATGG CCATTTAACA CCAATGATTG AAGCTGCAAG TTTAAGCTTT	720
	ATATTTATAG GTATGCTTGG CGTGTTAAGA GGTTATTATC AATCTGCAA TAATATGACA	780
10	GTTCCGGCTA TTTCCAGGT TATAGAACAA GTTATACGAG TAGGTATTAT CATTGTACT	840
	ATTGTTATTT TTGTAGACAG AGGTTGGACG ATATATGAAG CGGGAACAAT TGCTATTTTA	900
	GCATCAACGA TAGGTTTTTT AGGTTCTTCA ATTTATTTAG TAGCGCACCG ACCTTTTAAG	960
15	TTTAAATGG TAAATAACAC TGCAAAGATC GTTTGGAAAC AGTTCGCACT TTCGGTTTTG	1020
	ATTTTCGCTA TCAGTCAATT AATCGTAATT TTATGGCAAG TGATTGATAG TGTTACTATT	1080
20	ATTAAGTCAC TTCAAGCGAT ACGCGTGCCA TTCGATGTTG CCATAACTGA AAAAGGAGTC	1140
	TATGACCGTG GTGCATCATT TATTCAGATG GGATTGATTG TAACTACAAC ATTTAGTTTT	1200
	GCGCTCATTC CTCTGTTAAG TGACGCAATC AAAATGAATA ATCAGGTACT TATGAATCGT	1260
25	TATGCAAATG CGTCATTAAA GATTACGATT TTAATAAGTA CAGCAGCGGG AATAGGATTA	1320
	ATTAATTTAT TGCCTTTAAT GAACGGTGTG TTTTTTAAGA CGAATGATTT AACCTTAACG	1380
	TTAAGTGTTT ATATGATTAC GGTCATTTGT GTATCGTTAA TTATGATGGA TATGGCATT	1440
30	TTACAAGCGC AACATGCTGT GAGACCTATT TTTGTTGGTA TGACGGCAGG ATTGGTTATT	1500
	AAATTTATAC TTAATATCAT TTTGATTTCGT TTAAGTGGCA TTATTGGTGC GAGCATTAGT	1560
	ACTGTTGTAT CATTAAATTAT ATTCCGTACG ATTATCCATA TTGCTGTCAC GAGAAAATAC	1620
35	CAC TTATATG CGATGAGACG ATTTTTTATC AATGTTGTTT TAGGTATGGT ATTTATGTCG	1680
	ATTGTTGTTC AATGCGTGTT AAACATAGTG ACAACACACG GTAGAATCAC TGGACTCATT	1740
40	GAATTATTAT GTGCAGCAGT ATTAGGTATC ATTGCATTGT TTTTCTATAT TTTTAGATTT	1800
	AATGTTTTGA CATATAAAGA GTTAACTTAT TTACCATTG GTTCAAAGTT GTATCAAATT	1860
	AAGAAAGGAA GACGTTGATG GCACATACCA TTACGATTGT TGGCTTAGGA AACTATGGCA	1920
45	TTGATGATTT GCCGCTAGGG ATATATAAAT TTTTAAAGAC ACAAGATAAA GTTTATGCAA	1980
	GAACGTTAGA TCATCCAGTT ATAGAATCAT TGCAAGATGA ATTAACATTT CAGAGTTTTG	2040
	ACCATGTTTA TGAAGCACAT AACCAATTG AAGATGTCTA TATTGATATT GTGGCGCAAT	2100
50	TGGTTGAAGC TGCTAATGAA AAAGATATTG TCTATGCGGT TCCGGGTCAT CCTAGAGTTG	2160
	CTGAGACAAC TACAGTGAAT TACTGGCTT TAGCAAAGGA CAATACTGAT ATAGATGTGA	2220

55

	ATGATGGCTT CACACTGTTA GATGCGACAT CATTACAAGA AGTAACACTT AATGTTAGAA	2340
	CGCATACATT GATTACGCAA GTTTATAGTG CAATGGTTGC TGCTAATTTG AAAATCACTT	2400
5	TAATGGAACG ATATCCTGAT GATTACCCTG TTCAAATTGT CACTGGTGCA CGAAGCGATG	2460
	GTGCGGATAA CGTTGTGACA TGCCCATTAT ATGAATTGGA TCATGATGAA AATGCATTCA	2520
	ATAATTTGAC GAGTGTATTC GTACCAAAAA TCATAACATC GACATATTTG TATCATGACT	2580
10	TTGATTTTGC AACGGAAGTG ATTGATACTT TAGTTGATGA AGATAAAGGT TGTCCATGGG	2640
	ATAAAGTGCA AACGCaTGmAcgCTAAAGC GTTATTTACT TGAAGAAACA TTTGAATTGT	2700
15	TCGAAGCTAT TGACAATGAA GATGATTGGC ATATGATTGA AGAACTAGGA GATATTTTAT	2760
	TACAAGTGTT ATTGCATACT AGTATTGGTA AAAAAGAAGG GTATATCGAC ATTAAAGAAG	2820
	TGATTACAAG TCTTAATGCT AAAATGATTC GTAGACACCC ACACATATTT GGTGATGCCA	2880
20	ATGCTGAAAC TATCGATGAC TTAAAAGAAA TTTGGTCTAA GCGGAAAGAT GCTGAAGGTA	2940
	AACAGCCAAG AGTTAAATTT GAAAAAGTAT TTGCAGAGCA TTTTTTAAAT TTATATGAGA	3000
	AGACGAAGGA TAAGTCATTT GATGAGGCCG CGTTAAAGCA GTGGCTAGAA AAAGGGGAGA	3060
25	GTAATACATG AGATTAGATA AATATTTAAA AGTATCACGG TTAATAAAGC GACGTACGCT	3120
	AGCAAAAGAA GTAAGTGATC AAGGTAGAAT TACAATAAAT GGTAATGTTG CTAAAGCTGG	3180
	ATCGGATGTT AAAGTTGAAG ATGTGCTGAC GATTCGCTTT GGTCAAAAAT TAGTAACAGT	3240
30	TAAAGTAACT GCATTAAATG AACATGCATC TAAAGATAAC GCGAAGGGTA TGTATGAAAT	3300
	CATTGAAGAG CGTCGACTTG AAGAAGCGTA AATTGGAGGT GACAAGCAAT GAAAAATAAA	3360
	GTAGAACATA TAGAAAATCA GTACACGTCG CAAGAGAACA AGAAAAACA ACGTCAAAAA	3420
35	ATGAAAATGC GTGTTGTTc TAGGCGTATT ACAGTATTTG cGGGCGTATT aCTTGCGATA	3480
	ATTGTTGTTT TATCaATCTT GCTTGTTGTC CAAAAACATC GCAATGATAT TGATGCACAG	3540
40	GAGCGAAAAG CGAAAGAAGC ACAGTTTCAA AAGCAACAAA ATGAAGAAAT TCGTTAAAA	3600
	GAAAAGTTGA ATAATCTGAA TGACAAAGAT TACATTGAAA AAATTGCGCG TGATGATTAT	3660
	TACTTAAGCA ACAAAGGTGA AGTGATTTTT AGGTTGCCAG AAGACAAAGA TTCGTCTAGC	3720
45	TCAAAATCTT CGAAAAAATA AATCCAAATT GATTCAAAAT TATCCGAGTA TAGACATTGT	3780
	GAAAAAA	3787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 376:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1644 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 376:

5	TAAACCATT	CAA	ACTGAGG	AAC	GCA	AAGA	CGG	ACg	TTT	CCAGATTTAG	AAGTATTTAA	60
	AAATGAATGT	GATT	TAAAGCT	ATG	ACATAAC	GTC	ACTTTTAT	ACTTTT	TAAAGC	AACCTGTATC		120
	ACCACACCTT	GCATTT	AAAA	TGAC	CAGATCA	AATTTT	CTA	AATAAGCAGC	GTGTATTAGA			180
10	TAAGGTAAAA	GTTT	TAGATA	AGGA	ATTTGA	TTTTATCTTA	ATTGAGGGTG	CTGGGGGAAT				240
	TGCCGTACCA	ATATATGAAG	GTAC	CAGATGA	TTTCTACATG	ACTAAAGATC	TAATCAATGA					300
	TTGTGCAGAT	TGTGTCATCA	GTGTGTTGCC	ATCAA	AATTA	GGTGCTATTA	GCGATGCCAT					360
15	TGTTCAACCA	GATTATGTTA	ATCAGAATGT	ATCGGCGAGT	AATTTTTTAA	TAATGAATCG						420
	CTATACAGAC	AGCTATATTG	AAAAAGACAA	TCAAATGACG	ATTGGAAAAT	TAACAAATAA						480
	AACAGTCTAT	ACATTTGAAG	AACATGCCAC	GTATGAAAAT	TTCTCAGAAG	CATTTTTTAA						540
20	ACAATTAATA	GGAGTTAAAA	ATGAATTACA	CACAACAACT	TAAACAAAAA	GACTCAGAAT						600
	ATGTTTGGCA	TCCATTTACA	CAAATGGGTG	TATATAGCAA	AGAAGAAGCA	ATCATCATTG						660
	AAAAAGGAAA	GGGTAGTTAC	CTTTACGATA	CGAATGGCa	TAAATATTTA	GATGGTTATG						720
25	CATCGTTGTG	GGTCAATGTG	CATGGTCATA	ATAACAAATA	CTTnAATAAG	GTAATTAAAA						780
	AGCAACTCAA	TAAATTTGCC	CATTCTACGC	TGCTAGGATC	ATCAAATATT	CCGTCAATAG						840
30	AACTTGCGGA	AAAATTAATC	GAAATCACGC	CAAGTAATCT	AAGAAAAGTA	TTTTATTCTG						900
	ATACAGGCAG	TGCGTCTGTT	GAAATCGCAA	TAAAGATGGC	ATATCAGTAT	TGGAAAAATA						960
	TTGATAGAGA	AAAATATGCC	AAGAAAAACA	AGTTTATAAC	GCTAAATCAC	GGTTATCATG						1020
35	GGGATACGAT	TGGTGCGGTA	AGTGTGGTG	GTATCAAGAC	CTTTCATAAA	ATATTTAAAG						1080
	ACTTAATATT	TGAGAATATT	CAAGTAGAAA	GCCCATCTTT	CTATCGCAGT	AATTACGATA						1140
	CTGAAAATGA	AATGATGACA	GCTATTTTAA	CGAATATAGA	GCAAATTCTA	ATTGAAAGAA						1200
40	ATGATGAAAT	CGCAGGGTTT	ATATTGGAAC	CGTTGATTCA	AGGTGCGACA	GGCTTGTTTG						1260
	TTCATCCTAA	AGGCTTTT	TG	AAAGAAGTCG	AGAAATTGTG	CAAAAAATAC	GATGTCTTAT					1320
	TAATTTGTGA	TGAGGTAGCA	GTTGGTTT	TG	GGAGAACTGG	AAAGATGTTT	GCATGCAATC					1380
45	ATGAAGATGT	TCAACCGGAT	ATTATGTGTT	TAGGTAAGGC	GATTACTGGT	GGCTACTTAC						1440
	CACTTGCAGC	TACATTGACA	TCTAAAAAAA	TATACAATGC	ATTTTTAAGT	GATTTCGCATG						1500
50	GTGTGAATAC	CTTTTCCAT	GGTCaTACAT	ACaCCGGAAA	TCAAATcGTT	TGTaCGGTTG						1560
	cATTaGaaaa	TATaAGaCTT	TATGaAAAAC	GtaAGTtnAT	TGTgCACATa	TTGaAACGaC						1620

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 377:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 431 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 377:

ATGATTTTtA aAAATCATTa AGTTAAGGTt GATACACATC TTGTCATATG ATCAAATGGT 60  
 TTCGCCAAAA ATCAATAATC AGACAACAAA ATGTGCGAAC TCGATATTTT ACACGACTCT 120  
 CTTTACCAAT TCTGCCCCGA ATTACACTTA AAACGACTCA ACAGCTTAAC GTTGGCTTGC 180  
 CACGCTTAC TTGACTGTAA AACTCTCACT CTTACCGAAC TTGGCCGTAA CCTGCCAACC 240  
 AAAGCGAGAA CAAAACATAA CATCAAACGA ATCGACCGAT TGTTAGGTAA TCGTCACCTC 300  
 CACAAAGAGC GACTCGCTGT ATACCGTTGG CATGCTAGCT TTATCTGTTC GGGCAATACG 360  
 aTGCCCATTTG TACTTGTtGA CTGGTCTGat ATCcgTGAGC AAAAACGGCT TATGGTnTTG 420  
 CGAGCTTCAG T 431

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 378:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2006 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 378:

TTTnTATAAC GTATTATAAA TCGTTAAAAA TTTTGGTTGT GTTTGCCTCA CGTAGACAAC 60  
 CTCCATAAAG TTACTTAATC ACTCTCATCA TACAATAATT TTTACTCAA TTGGAAnAAT 120  
 TATAAAATT AAATATAGAT AGGCTTTGAA AATTAGTTTT ATACAAGGTT AGTAGCTGTA 180  
 ACTGTAAAT GTTCTTAATA TTGTCAAAT GTAATGCTTG AAAGCGCTT TAAAnAATAT 240  
 TATTATATAC ATGGTTAGAC AAATAGACAA ATCACTATAC AAATATTGGG AGGAATATTT 300  
 TATGAAATCA ACACCACACA TTAAACCAAT GAATGACGTC GAAATTGCAG AAACGGTTCT 360  
 ATTGCCAGGA GATCCGTTAA GAGCTAAGTT CATTGCAGAA ACTTATTGG ATGATGTGGA 420  
 ACAGTTCAAT ACAGTGCAG AAATGTTTGG TTTTACCGGA ACATATAAAG GTAAAAAAGT 480  
 TTCTGTCATG GGTTCAGGTA TGkGTATGCC ATCTATTGGC ATTTACTCTT ATGAATTAAT 540

EP 0 786 519 A2

	CATTGATTTA TATGATGTGA TTaTTkCACA AGGTGCCTCT ACTGATTCAA ATTACGTTCA	660
	ACAATATCAA TTACCAGGTC ATTTTGCGCC AATTGCTTCT TATCAATTAT TAGAAAAAGC	720
5	AGTTGAAACA GCACGTGACA AAGGTGTACG TCATCATGTA GGTAATGTGT TATCAAGTGA	780
	TATTTTCTAT AACGCGGATA CAACAGCGAG TGAACGTTGG ATGCGTATGG GTATTTTAGG	840
	TGTAGAAATG GAATCaGCTG CaTTATACAT GaATGCAaTT TACGCTGGTG TCGAAGCATT	900
10	AGGTGTGTTC ACAGTGAGCG ATCATTTAAT TCATGAAACG TCAACAACAC CTGAGGAAAG	960
	GGAACGTGCA TTTaCAGATA TGATTGAAAT TGCACGTGCA TTGGTGTAGA TGATTATGAA	1020
	TGTTGAATAT TCTAAAATAA AGAAAGCAGT ACCTATTTTA TTATTCTTAT TTGTATTTCAG	1080
15	TTTGGTTATA GACAACTCAT TTAAATTGAT TTCTGTAGCC ATTGCTGATG ACTTAAACAT	1140
	ATCTGTAACG ACAGTAAGTT GGCAAGCGAC ATTAGCCGGT TTAGTAATTG GTATTGGCGC	1200
	TGTAGTATAC GCTTCATTAT CTGATGCCAT TAGTATACGC ACACTATTTA TTTATGGCGT	1260
20	GATATTAATC ATTATCGGAT CAATTATTGG TTACATTTTC CAACATCAAT TCCCATTACT	1320
	TTTAGTTGGA CGTATTATTC AAACGCGG TTTAGCTGCT GCAGAGACAT TATATGTGAT	1380
25	ATATGTTGCA AAGTATCTTT CTAAAGAGGA CCAGAAGACT TACCTTGGCT TAAGTACGAG	1440
	CAGTTATTCC TTGTCATTAG TTATCGGTAC ATTATCAGGT GGATTTATTT CTACGTATTT	1500
	ACACTGGACA AATATGTTTT TAATTGCATT AATCGTAGTA TTTACGTTGC CATTCCCTATT	1560
30	TAAATTATTA CCAAAAGAAA ATAATACGAA TAAAGCTCAT TTAGATTTTG TTGGCTTAAT	1620
	TCTAGTGGCA ACTATTGCTA CAACAGTCAT GCTGTTTATT ACGAACTTA ATTGGTTATA	1680
	TATGATTGGT GCCTTAATTG CGATTATCGT TTTTGCGCTA TATATTAAAA ATGCGCAACG	1740
35	TCCATTAGTA AATAAATCAT TTTTCCAAAA TAAACGTTAT GCTTCATTTT TATTTATAGT	1800
	ATTTGTAATG TATGCTATCC AATTGGGTTA TATTTTACG TTCCCATTCa TAATGGAGCA	1860
	AATTTATCAT CTGcAACTAG ACACAACATC ACTGTTATTA GTACCGGGgT TaTATAGTAG	1920
40	CAGTCATTGT TGGtGgCACT AAGTGGgTta AAATCGGgCG rAATATCTGG AATTCCAAAA	1980
	CCAAGCGGAT TATCACAGCC AATTAA	2006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 379:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4858 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

	TGGGGAAAAA AAGACCCAGC AGTATTAGAA GAATCGTTAA ATATTTCTAT TGAAGAAATG	60
	AATCGTATCA TAAAATTAGT CGAAGAATTA CTTGAATTGA CTAAAGGAGA TGTAATGAC	120
5	ATTTCTTCTG AAGCACAGAC CGTGCATATT AATGATGAAA TTCGCTCGCG AATACACTCA	180
	TTAAAACAAT TGCATCCTGA TTATCAATTT GATACGGATC TGACATCTAA AAATCTAGAA	240
10	ATTAAAATGA AACCTCATCA ATTGGAACAA TTATTTTAA TCTTTATTGA TAATGCAATC	300
	AAATATGATG TGAAGAATAA GAAAATTAAA GTTAAGACAA GGTAAAAAA TAAGCAAAAA	360
	ATAATTGAAA TTACAGATCA TGGAAATGGT ATTCCAGAGG AAGATCAAGA TTTCATTTTT	420
15	GATCGCTTTT ATCgAGTGGA TAAATCTCGT TCAAGAAGTC AAGGCGGTAA TGGACTCGGA	480
	TTATCTATTG CTCAAAAAAT CATTCATTA AACGGAGGAT CGATTAAAAT TAAAAGTGAA	540
	ATTAAACAAAG GAACAACGTT TAAATCATA TTTTAATCAT GACTGAGACG TCAATCAAAG	600
20	TCATAGGATC AATTTTTTAA GTACACATTA GCTGTGACTA ATGTATAAGA ACAACTATAA	660
	AACAAATAAA CAGTGGTTCT TTATCATTTT TGTGTACTC CCAAATTTA CAATAAATA	720
	CATCTATAAA CCTAGAAGAA TCAACGCTTT TGTGTATTCT TCTTTTtagc AGATAAATAG	780
25	GTAAATCTAC TTTAACAAT AACTAAATAG TGATATTATT ACATTGTAAG CGTTTCAACA	840
	TTTTTGTGGA GGGTGTAAAA TGACTAACGA AAGAAAAGAA GTTTCAGAGG CTCCTGTAAA	900
30	CTTCGGTGCG AATTTAGGTC TAATGTTAGA TCTATATGAT GACTTTTTTAC AAGATCCATC	960
	ATCTGTACCA GAAGATTTAC AAGTCTTATT CAGCACAAAT AAGAATGATG ACTCAATTGT	1020
	ACCAGCTTTA AAAAGTACAA GTAGTCAAAA TAGCGACGGC ACAATTAAGC GTGTATGCG	1080
35	TTTAATTGAT AATATTCGCC AATACGGGCA TCTTAAAGCC GATATTTATC CTGTAAATCC	1140
	TCCAAAAAGG AAACATGTAC CTAAATTAGA GATTGAAGAC TTTGATTTAG ATCAACAGAC	1200
	TTTGAAGGT ATATCAGCAG GAATTGTTTC AGATCACTTT GCCGACATTT ATGATAATGC	1260
40	TTATGAAGCA ATTTTAAGAA TGGAAAAACG TTACAAAGGA CCAATTGCAT TTGAGTATAC	1320
	ACATATTAAT AACAATACCG AACGTGGTTG GTTAAAAAGA AGAATTGAAA CGCCATATAA	1380
45	AGTAACGTTA AATAATAACG AAAAAAGGC ACTATTCAA CAATTAGCGT ATGTTGAAGG	1440
	GTTTGAAAAA TATCTTCATA AAAACTTCGT TGGTGCAAAG CGTTTTTCAA TTGAAGGGGT	1500
	AGACGCACTT GTACCGATGT TACAACGTAC TATTACGATT GCTGCGAAAG AAGGTATTAA	1560
50	AAATATACAA ATAGGCATGG CTCACCGTGG ACGTTTAAAC GTTTTAACGC ATGTCTTAGA	1620
	AAAACCGTAC GAAATGATGA TTTCAGAATT TATGCATACA GATCCAATGA AATTCTTACC	1680
55	TGAAGATGGT AGCTTGCACT TAACTGCTGG ATGGACTGGT GATGTGAAAT ATCACCTTGG	1740

## EP 0 786 519 A2

	AAGTCACTTG	GAAATTGTTG	CACCTGTTGT	TGAGGGGCGT	ACGAGAGCAG	CACAAGATGA	1860
	TACACAACGA	GCTGGGGCTC	CGACGACTGA	TCATCATAAA	GCAATGCCAA	TTATTATACA	1920
5	TGGCGATGCT	GCTTATCCTG	GTCAAGGAAT	TAACCTCGAA	ACAATGAACT	TAGGAAACTT	1980
	GAAAGGCTAT	TCTACGGGTG	GTTCAATTGCA	TATTATTACT	AACAATAGAA	TTGGATTTAC	2040
	TACAGAACCA	ATTGATGCAC	GTTCAACAAC	TTATTCTACA	GATGTGGCCA	AAGGTTATGA	2100
10	TGTGCCAATA	TTCCATGTCA	ATGCAGATGA	CGTTGAAGCT	ACTATTGAAG	CAATTGATAT	2160
	TGCAATGGAA	TTTAGAAAAG	AGTTTCATAA	AGACGTCGTT	ATTGATTTAG	TAGGTTATCG	2220
15	TCGTTTCCGA	CATAACGAAA	TGGATGAACC	ATCAATTACT	AATCCaGTTT	CTTATCAGAA	2280
	TATTGCGAAA	CATGACTCTG	TTGAATATGT	GTTTGGTAAA	AAGCTTGTTA	ATGAAGGTGT	2340
	CATTTTCAGAA	GATGAAATGC	ATTCATTTAT	AGAACAAGTC	CAAAAGGAAC	TAAGACAAGC	2400
20	TCATGATAAA	ATTAATAAAG	CTGATAAAAT	GGATAATCCA	GATATGGAAA	AGCCTGCAGA	2460
	TCTTGCAATTA	CCGTTACAAG	CAGACGAACA	ATCATTTACT	TTTGATCACT	TGAAAGAAAT	2520
	AAATGATGCA	TTGTTAACAT	ATCCGGATGG	CTTTAACATT	TTGAAAAAGT	TAAACAAAGT	2580
25	TCTTGAGAAG	CGTCATGAGC	CGTTTAATAA	AGAAGATGGT	TTAGTTGATT	GGGCACAAGC	2640
	AGAACAACCTT	GCATTTGCGA	CAATTTTACA	AGATGGTACA	CCGATTCGCT	TAACGGGTCA	2700
30	AGATAGTGAA	CGTGGTACAT	TCAGTCATAG	GCATGCCGTG	TTACATGATG	AGCAAACAGG	2760
	TGAAACATAT	ACACCTTTAC	ATCATGTTCC	TGATCAAAAA	GCGACATTTG	ATATACACAA	2820
	TTCTCCGCTT	TCAGAAGCAG	CAGTAGTTGG	TTTTGAATAC	GGCTATAATG	TGGA AAAACAA	2880
35	AAAAAGCTTC	AATATTTGGG	AAGCACAATA	TGGTGATTTT	GCAAATATGT	CACAAATGAT	2940
	TTTTGACAAC	TTCTTATTCA	GTTCTCGCTC	AAAATGGGGA	GAACGTTTCA	GATTAACATT	3000
	ATTCTTACCT	CATGCATATG	AGGGTCAAGG	GCCTGAACAT	TCATCAGCAA	GATTAGAGCG	3060
40	ATTTTTTACAA	TTAGCTGCTG	AAAATAATTG	CACAGTTGTC	AACTTATCTA	GTTCAAGTAA	3120
	TTATTTCCAC	TTATTGCGTG	CACAAGCGGC	TAGTTTAGAT	TCTGAACAAA	TGCGACCATT	3180
	GGTTGTTATG	TCACCAAAAA	GCTTACTGAG	AAATAAAACA	GTTGCAAAAC	CAATTGATGA	3240
45	ATTTACTTCT	GGTGGATTTG	AGCCAATTTT	GACAGAATCA	TATCAAGCGG	ATAAGGTTAC	3300
	AAAAGTTATT	TTGGCAACTG	GTAAATGTTT	CATTGATTTA	AAAGAAGCAT	TAGCTAAAAA	3360
50	TCCAGACGAA	TCAGTATTAC	TCGTTGCGAT	TGAAAGATTG	TATCCATTCC	CAGAGGAAGA	3420
	GATTGAAGCA	TTACTAGCAC	AATTGCCAAA	CCTTGAAGAA	GTGTCATGGG	TACAAGAAGA	3480
	ACCTAAAAAT	CAAGGTGCAT	GGTTATATGT	CTATCCATAT	GTTAAAGTGC	TAGTTGCAGA	3540

55

AGAAATTCAT AAAC TTGTTC AAAATAAAAT TATAGAAAAT GCATTAAAAA ATAAGTAGGG 3660  
 GGAAATAAGT CATGCCAGAG GTTAAAGTTC CAGAATTAGC AGAATCTATT ACAGAAGGTA 3720  
 5 CCATTGCAGA ATGGTTGAAA AACGTAGGGG ATAGCGTAGA AAAAGGTGAA GCTATTCTTG 3780  
 AATTAGAAAC TGATAAAGTT AATGTCGAAG TTGTATCTGA AGAAGCAGGT GTATTATCTG 3840  
 AACAACTTGC AAGTGAAGGC GACACTGTAG AAGTTGGACA TGC AATTGCT ATCATCGGCG 3900  
 10 AAGGTAGTGG CAATGCTTCT AAAGAAAATA GTAACGACAA TACTCCACAA CAAAATGAAG 3960  
 AAACAAATAA TAAAAAAGAA GAAACAACAA ATAATTCGGT AGATAAAGCT GAAGTAAATC 4020  
 15 AAGCAAATGA TGACAATCAG CAACGTATTA ATGCTACGCC TTCTGCGCGT CGATATGCTC 4080  
 GTGAAAATGG TGTGAATCTT GCTGAAGTAA GTCCGAAAAC AAATGATGTG GTTCGTAAAG 4140  
 AAGATATTGA TAAGAAACAA CAGGCACCGG CATCAACACA AACACACAA CAAGCATCTG 4200  
 20 CAAAAGAAGA GAAAAAATAC AATCAATATC CTACAAAACC AGTGATTCGT GAAAAAATGT 4260  
 CACGTAGAAA GAAACAGCT GCCAAAAAAT TATTAGAGGT ATCTAATAAT ACAGCTATGT 4320  
 TAACAACATT TAACGAATG ACATGACAAA TGTTATGGAA TTGCGTAAAC GTAAGAAAGA 4380  
 25 ACAATTTATG AAAGATCATG ATGGTACTAA ATTAGGATTT ATGTCATTCT TTAATAAGC 4440  
 TTCTGTAGCA GCTTTGAAAA AGTATCCAGA AGTTAATGCA GAAATCGACG GCGACGACAT 4500  
 GATTACGAAA CAATATTATG ATATTGGTGT AGCTGTTTCT ACAGATGATG GATTATTAGT 4560  
 30 ACCATTTGTA AGAGATTGTG ATAAAAAGAA TTTTGCAGAA ATCGAAGCAG AAATTGCTAA 4620  
 TTTAGCAGTT AAAGCAGCAG AGAAAAAACT TGGCTTAGAT GATATGGTTA ATGGTTCATT 4680  
 35 TACGATTACA AATGGCGGTA TTTTGGATC AATGATGAGT ACGCCAATTA TCAATGGTAA 4740  
 TCAAGCTGCA ATCTTAGGCA TGCATTCAAT TATTACAAGA CCAATTGCGA TTGATCAAGA 4800  
 TACAATCGAA AATCGTCCAA TGATGTATAT TGCATTAAGC TATGATCATA GAATTATT 4858

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 380:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2222 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 380:

ATCAGTCACA CGGTAGGCAT ATAAAATGAG TCGTTTCTAC AACATTTTAA AACAGTTCAT 60  
 TCAATATTAT TTTTATCTAA TAATnATATT GGGAGGATTA TACCTTTATA CACACCATGC 120



## EP 0 786 519 A2

	ATGCTATTTA GCTAAAGCTA AAAGACCAGA CACTATGCAT ATTTCAACTG GAAATATGTG	240
	GCGATACTTA GTTGCAATTA TTGCCTGTAT GATTGGGTAC CTTAATAAAG CGCATGTAAG	300
5	TATCATCGGT ATAATTATTG GTTTAATGAT TTCATATGTT GTAGTTATCA TACGTCCTTT	360
	ACTAAAGGTG AGCAAATAAA TTAAGAAAGA GGTGAGATTA TGGATCACAA ATCCCCGCTC	420
	GTGAGTTGGA ATTTATTCGG TTTTGaTATC GTTTTCAATT TATCAAGTAT ATTGATGATA	480
10	CTTGTTACGG cGTTTCTTGT TTTTCTACTT GcTATCATTT GTACGCGTAA TTTGAAAAAA	540
	AGACCAACTG GCAAACAAAA TTTTCGTTGAA TGGATTTTTG ATTTTCGTGAG GGAATCATT	600
15	GAAGGTAACA TGGCTTGGA AAAAGGTGGT CAATTCCACT TCTTAGCAGT AACGCTGaTT	660
	CTGTACATTT TTATAGCTAA TATGTTAGGT CTTCCGTTTT CTATAGTAAC GAAAGATCAC	720
	ACATTGTGGT GGAAATCACC GACAGCnGAT GCAACAGTGA CTTTAACGTT GTCTACAACG	780
20	ATAATACTGT TAACTCACTT TTATGGAATT AAAATGCGTG GTACGAAACA ATATCTTAAA	840
	GGTTATGTAC AGCCGTTTTG GCCATTGGCA ATTATTAATG TTTTGAAGA GTTCACTTCA	900
	ACATTAACGC TTGGTCTGCG TTTGTACGGT AACATATTTG CAGGTGAGAT ACTATTAACA	960
25	TTACTTGCTG GCTTATTCTT TAACGAACCA GCATGGGGTT GGATTATTAG TATCCCAGGA	1020
	TTAATTGTTT GGCAAGCATT TTCAATATTT GTAGGAACAA TCCAAGCATA TATCTTTATT	1080
	ATGCTTTTCGA TGGTTTATAT GTCACATAAA GTGGCAGATG AACACTAAAA ATTTCAATAA	1140
30	TTATATACAA TCACAGGAGG AAATTAAATT ATGAATTTAA TCGCAGCAGC AATCGCAATT	1200
	GGTTTATCAG CATTAGGAGC AGGTATCGGT AACGGTTTTAA TCGTTTCAAG AACAGTTGAA	1260
35	GGTGTAGCAC GTCAACCAGA AGCACGTGGT CAATTAATGG GTATCATGTT CATTGGTGTA	1320
	GGTTTAGTTG AGGCATTACC TATCATCGGT GTAGTAATTG CATTATGAC ATTTGCTGGA	1380
	TAATTAACAG ATAAAAGAGG TCGGGACAAA GCGCATAGGA CATAATTCAT GATGCATATA	1440
40	TAGTAATATC TTTGAACTTT ATTAAATAGT TGAGATATGA ACGCACCATG CCTATCGCAT	1500
	AAATTCAGTA GGTCTTAACC TCGTCGTTTT TTTCTATATA AACTAGCGA TTATTTTAAT	1560
	GAAAGGAGTG TCATGAACCC GTGACTGAAA CAGCTAACTT ATTCGTTCTT GGTGCAGCTG	1620
45	GAGGCGTTGA GTGGGGTACT GTGATTGTAC AGGTCCTAAC TTTTCATCGTG TTAcTTGCGT	1680
	TACTTAAAAA GTTCGCATGG GGTCCATTGA AAGATGTAAT GGATAAACGT GAAAGAGATA	1740
50	TTAACAGAGA TATCGATGAC GCAGAACAAG CTAAGTTAAA TGCACAGAAA CTTGAAGAAG	1800
	AAAATAAACA AAAACTTAAA GAAACACAAG AAGAAGTTCA AAAGATTTTA GAAGATGCTA	1860
	AGGTTCAAGC ACGTCAACAG CAAGAACAAA TTATTCaTGA AGCAAACGTA CGTGCAAACG	1920

55

## EP 0 786 519 A2

TTAATAATCa AGTATCTGAA CTATCAGTGT TAATTGCTTC TAAAGTTCTT AGAAAAGAAA 2040  
 TTTCTGAACA AGACCAAAAA GCATTGGTTG ACAAGTATCT AAAAGAGGCA GGCGATAAAT 2100  
 5 AATGGTAAAA GTAGCTAACA AGTATgCTAA AGCATTATTT GACGTGTCAT TAGATACAAA 2160  
 TAATTTAGAG ACTATTAATG AAGAATTAAAC AGTTATAAAT GAAGCAGTAA AAGATAAAAT 2220  
 TG 2222

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 381:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1143 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 381:

20 TAACAATTCC TaTATTCATG TTTAATACGA AACACTACAT TTACATTGTA ATTCACTATC 60  
 TTTTGAAGTA ATAAAGTGAT TTGTTCAATC GATAGCTCAT TGCTTGTGTC GATTGTAACA 120  
 25 ATTATATGCA AGTTTTTCAGG ATTAACACCT AATCTTTGAA TGATTTGTTT AATAGTATAA 180  
 TAATCCATCC AATAAAAAATT ACTTCCTTTA ATATAAATGT TTTTAGGTTG ATACATTGTA 240  
 CTCCTTTTTG TAGGCTCAAA AGGTATATCA ATCTCGCGCA TACTTGAAGA ACTTTGATTA 300  
 30 GTATCATCAA ATAATTCAAT TATATTTTTA TCAATTTCAA CTAATTGGGA ATGGTTAATT 360  
 GAATGAGATG TTGGACTATA TCTTTTTCTA ATTAATTTAG GAGTGTACC ATACGTTTCT 420  
 TTAAAGAGGT GTATAAACG AGAATAATGA TTAAAAACCAT GACTACTTGC GATTTCTTCA 480  
 35 ATAGGCTTCT TAGrAGTTAA AATATCAATT AAGCAATGCT CCAGTCTAAT ATGATTTAAA 540  
 TATTGAATAA AATTACTATA AGGTGTCGCT TTAAACATGT CACTTAAAGC TTTGTTTGTA 600  
 40 ATACTAACTT GATTAATGAC ATCTTTCCTA TTTATCTTTT TATGGTGGTT GTTTGTTAAA 660  
 TAATCGTGCA CTTCTTCGGC TACTAAATGA CGACTACCAT CGTATGTATT TAATGACATT 720  
 AATTCAACAC ACATGTAATT AATAATCTTA TCATTAGCAT TATAAGACTG TTGTTTAATT 780  
 45 TTGCTGTAGA TTAAATACTT AATCAAGATT CTAAAAGTGC TAGCAACCTC ATTTGTTAAT 840  
 ATCTTGCCAC GCATCATATA GTTTGCATT CATAAACTTCA AAAATGTCTT TGCACTTACT 900  
 TCAACAACAC AACATACACT ATCATCATT CCAATCAATTT GATACAAATC ATTCAACATA 960  
 50 ATAATGGTGA CATCATTTCT TTTTACATCA TATTGTTGTA GATTGATTGA AACTACACCT 1020  
 GTACCTTGTA GCCAATATAT AATTTTTaAG TTCGCTTCCT TCACACTACT CATTTTCATA 1080

ATT

1143

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 382:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 506 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 382:

GGACCACCTT TTTTACCTGT ACGACTAAAG CCAACTGTTT TAAAGGCACC AACAGCATGC 60  
 CACACTTGAA TAATTTCTTG TGATGGTCTA AAGCGAACCG TATAAATTAA TGGATGGAAA 120  
 TCATCAACAA AAATATAATC GGCCTTACCA AGTAAATATG GCAATCTAAA CTTGTCTCTC 180  
 CATTTGCGTC TATCCGTAAT ATTCTCCTTA AATACCGTTT TAATATCATA ATCAAAATCT 240  
 ACTTTTGGC GTAGTAACTC ATCATATACA TACTTGAAAT TCCCTGATAA ATTCGGACGC 300  
 GAATCTGATG TGAATAATAT TGTTTTGCTT CTTTAAATAT GTAGTAACTT TGTAATATTA 360  
 AAAATAGCTT TAAATAAGAA ACTTCTACTT TCAAATGAAG CTTTATGACC TTGTTTATGA 420  
 AGCCAGTGTG cACTTgTCGC AATGaCCCCT GaTTTCyCyT GagGtAAGGk GaTTTCmATA 480  
 TCAAATACAA ATTCGTTAAC GTCACT 506

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 383:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 421 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 383:

AGCATCTGCA AtGAGTcTCT AATACAACGA TACGTTTTGC ATCTTTAGGT ACTTTTACTG 60  
 TACCATTTTC ATCTTTTACC GAAATAGTAT CTTTAGTTGA TGATTCTTTT TTACTTGAAT 120  
 TATCCGTATT ACCACAAGCT GCAACTAAAA GTAAGGCAAC TATTAATCCC AATATACTAA 180  
 AAGTTTTTAG ACCTCTCATC GTTCCACTCC TTAATATGTA TAACTTCATT TATTATTTTA 240  
 TTGATAACAA TTATCATTGT CAAGTAGCGT TCAATCTTTT TTATATTTCT AAAATGTATG 300  
 ACTATATATT TCCTCTAATA ATTATGACTA CAATTAGCAC ATTTCCCTTAG ACAAATACT 360  
 GATAATGTAT CATTGCTATA TCATCTTTGC ATTAATACAA TTGACACCAT TTAGCATGAC 420

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 384:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 862 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 384:

TGCACTTGAT ACTTTAGCAC ATGAAATTGC TAATCGATTA GTTGCAAATG ACAAGAATGA	60
AGCAACTTTG GAAATGACTA ATAAATGGC AACGATTCGT TTTACAGAAC CTACGCTGAT	120
TGCATTAGCA GGGGGTAATG TCAAAGCTTA CACTGAGCAT ATGACTATAT CTCCATATAA	180
ATTGTATTTG TTAGATAAAG GCGATGTTTT AAAGTTTAGA GAAACAAGTT ATACATCGCG	240
AGTGTATTTA GCTGTGGAG GCGGATTTGA ATTAGATGCA TGGTTAGGAT CTAACCTCAAC	300
CGACTTTAAT GTAAAAATTG GTGGTTTTAA AGGTAGAACA TTACAAGATG GCGATGAAAT	360
AAAGCTTAAG AGAGATTATA CAGCTCGTCA TCATAAGTTA TTTGAAAACC TTGCTCACAC	420
GAAACAAACA GATTGGGGTA TTGATGGATA CGCCTTGTC TTTAATTATA TGTCTGATGT	480
ATTTTCATGTC GTTAAAAATA AAGGTACGGA AGATTTTAAA GAAGATGCCA TTCAAAGATT	540
TGTGAAACAT GATTATAAAG TAACGAGCAA AGCAAATCGC ATGGGGATGA TGCTTGAAGG	600
TGAAAAAATC AAAGCTTTTT ATGAAGATAT GCCACCGTAT CAGACTGTCA AAAAAGGAAC	660
GATACAAATT AAGCGTGATG GCACACCTAT TATCCTATTA AATGATCATT ATACGCTAGG	720
TAGTACCCG CAAATCGGTA CAATCGCAAG TTATCATTTA ACGAAATTAG CACAAAAACC	780
GCAAGGATCA CGTTTGAAAT TTCAATTTAT AGATATTTTA ACGGCTGAAA AGAACCTTGT	840
TAAgTATAGT AACTGGTTAA AC	862

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 385:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 385:

AAATGAGTTG ATGATGGCTC CTATTCCATC TATCTCTAGG TATGACAGAA SATAAACGGT	60
CTTCTACCTG TCTsACATTA TCTTTCCAAC GATTAATACC TAAGCGTTTA GAAACACGTT	120

## EP 0 786 519 A2

CAGTTTTACG TCCTACACCT GCTAAACTTT CTAATTCCTT ATGTGTTTGT GGTATTTCTC 240  
 CATTAAATG ATCAATCAAA GATTGACAAA GTTCTTAAT ATTCTTAGCT TTGTTACGAT 300  
 5 ACAGACCGAT AGAACGAATA TCATTCATAA GTTCTTCATC ACTGACTGCC AAATAATCTT 360  
 CAGGCGTTTT GTATTTTTTA AACAGCTCAG TTGTTACTCT ATTTACTAGA ACGTCTGTAC 420  
 ATTGCGCTGA CAATAATACA GCAATAGTTA ATTCGAACGG ATTATCATGT TTTAATTCAC 480  
 10 ATTCTGCATC CGGAAACATA TTTGCTATAA CATCAATCAT TTCTAATGCT TTTTCTTAC 540  
 TTACCATCAA GGTTCTCCCC GTTTAACCAA TCAAATTTAG GTACCGTTTT AACTGTGTGC 600  
 GTCATTTTCG GTTTATTGAA TTTTCTCTT ATTTTCTAG AATCGTCAAT TGTTTTGACA 660  
 15 TTGTTTTTCT TCCAATTAAG TAAATACGA TCTATATATT TAAAGCTAAG TTTATTCAAA 720  
 CTATTCGCCT CGTCTAATGC CGCTTGATA ATTGCAGTAT CGTGTATATC AACATCAATC 780  
 20 CATTGATTTA ACGTTTCTAT TTCATATGGA GATAACGGCC TTGCAAATGT ATCCTCTAAA 840  
 ACTCTAAATA ATTGTTTAAA TTTTCTTTA CTATTTAGCT CTTTCGTTTC CATACTTTGT 900  
 TGCTCAATA TATGACTTAA TTTTCGAAA AAAGGATCTA GATTCATATA TTCGGKAAAT 960  
 25 CTACCTTCyT CATCyTTTg aACTkGtAAT tCTAGCAATT CACGTgTATC AAATTTTGGa 1020  
 TACCATT 1027

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 386:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1006 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 386:

40 AAGGnTTGGA GGGAATTAAT nGATGGCAAA TCCCAGaTAA AGTACACaAC GCATGGAATG 60  
 TGATGCATTT AATATTTCCA GTAGTTAGTA CGACGTTTGC AAGCTTTAAA TCTATGTATG 120  
 GGGGCATACC AAAAGATTTT ATAGACTACT TATTTATTGA TGAAGCAGGA CAAGCAATAC 180  
 45 CTCAAGCAGC TGTGGGAGCA TTATATCGTT CAAAAAAGT TGTAGCTGTA GGTGATCCGa 240  
 TTCAAATAGA ACCGGTTGTG ACTTTAGAAA GTCATTTAAT TGATAACATT CGTAAAAATT 300  
 ATCATGTTCC GGAATATCTA GTTCTAAAG AAGCTTCTGT GCAGTCTGTT GCAGACAACG 360  
 50 CCAATCAATA TGGTTTTTGG AAATCTGATG CTAAGTATAG TAATCAAAAA ACCTGGATAG 420  
 GCATACCTTT ATGGGTGCAC AGACGATGTT TAAACCTAT GTTCACGATa GCTAaCCAAa 480

55

GGTATGACGT TAAAGGAAaC GCAGTTCAAA AACAAATTTGT GAAAGAGCAT GGTGAAAAaG 600  
 TAGTGGGATT ATTAGCTGAT GATTGGATTG AAGCAATTAA GGAAGGTAAA AATGAACCGA 660  
 5 GCTCATTGT AATATCGCCT TTTTCAGCAG TACAGCAACA GATTAAACGT ATGTTAAAGC 720  
 AACAACTACC GACTAGAATT GATATTGAAC GTACAAAAAT TAATCAATGG GTCGATAAAT 780  
 CCATTGGTAC TGTTCACTACT TTTCAAGGTA AAGAGGCTCA GAAGGTGTAT TTTGTAATAG 840  
 10 GTACTGATAA TACCCAAGAT GGTGCTGTGA ACTGGTCATG CGAAAAACCA AACTTGTTAA 900  
 ACGTTGCAGT GACAAGAGCT AAGAAAGAGT TTaTGTAATT GCGGACATGC AAAGAATACA 960  
 15 GATGAaACCA TTTTATGAGA CGATTTTtan AGnaAGAAAT GTAAAA 1006

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 387:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 662 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 387:

CGTTTCATCA AGTnATCGAT CCTAATTTAC AAAATATTCC GGTTAGACTT GAAGAAGGGC 60  
 GTAAATAAG AAAAGCCTTT AAACCAACTT CAAAGATAG CGTTATATTA TCAGCAGATT 120  
 30 ATTCTCAAAT TGAATTGCGT GTATTAGCAC ACATTACACA AGATGAGAGT ATGAAAGAAG 180  
 CATTTATCAA CGGCGATGAT ATTCATACAG CAACTGCTAT GAAAGTATTT GGTGTAGAAG 240  
 35 CTGATCAAGT CGATAGTTTA ATGCGTCGTC AAGCAAAAGC AGTTAACTTT GGAATTGTTT 300  
 ATGGGATAAG TGATTATGGT TTAAGTCAAA GTTTAGGTAT TACTCGTAAA AAAGCAAAAG 360  
 CATTCAITGA TGATTATTTA GCTAGTTTCC CAGGTGTAAA ACAATATATG TCTGATATTG 420  
 40 TAAAAGATGC CAAAGCTTTA GGTTACGTGG AAACATTGCT ACATCGTCTGA CGCTATATTC 480  
 CTGATATTAC GAGTCGTAAC TTTAATTTAC GCGGCTTTGC TGAACGTAAT GCTATGAATA 540  
 CGCCAATACA GGGCAGTGCT GCAGATATCA TTAACTGGC AATGGTTAAA TTGCTCAAA 600  
 45 AAATGAAAGA GACAACATAT CAAGCTAAAC TATTATTACA AGTACACGAT GAATTAATTT 660  
 TT 662

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 388:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 669 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 388:

5 TCATCCAAAT TTTGGAAATT CCACATTTTA CATATCGTAA TTTTTTAGGA AACTAGTGAA 60  
 TATAACAAAT CCCTCCTCTC ATTTTAAAA TAGATATATC ACTTCCCCAC TTTTACTTAA 120  
 CTAAGCTGCA ACGGTTCTTA ATACCAAAAT CCTGCCCTCT ATTTTATCA ATTCAAGCAT 180  
 10 ACTTATTGAA AAATGTTAAC GTTTTCTTGA TAATCATTGT AAGCGCATTT ATTTTATAAA 240  
 CTAACGTTTG AAATATACTA CAGGAGTGAC ACGTAATGAC TCAAATTACT GAAAAAGAAT 300  
 TAAAAAGAA GTATTTAGAT TTAATATCCC AAAATTTTGA TACTCCAGAA AAATTGCAA 360  
 15 CTGAAATTAT CAATTTAGAA TCAATTTTAG AATTACCTAA AGGTACGGAA CATTTCTGCA 420  
 GCGATTTACA TGGTGAATAT GAAGCTTTCC AACACGTATT ACGCAACGGT TCTGGGAACG 480  
 TGCGAGCGAA AATCAATGAT ATTTTCAAAG AGAGACTTTC AACTAAGGAG CTTAATGACT 540  
 20 TAACTGCTCT TGTCTACTAT CCAGAAGrCm AATTtAAAAT TgATTAAAAG TGATTTCCTA 600  
 AATTgCGGtC mActTAATGt CyGGtATATC ACaACmATCG aACATTTAAT TGAGTTAATT 660  
 25 AAATATTGT 669

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 389:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1249 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 389:

35 CACATGGCTG TTAGAGATAT GAATGGCCAT GCGTTACCTT TAACAAAAGA TGGCAATTTT 60  
 TATCAACGA ATGTAGATGC AAATGGTGTT AATCATGGTG GTAGTGAAAT GGTGCAAAAT 120  
 40 AAAACAGGTC ATATGAGTCA ACAArGCCAT ATGAATCAGA ACACACATGA ACCAACAGCC 180  
 ACACATGCAA CAAGGTCATA TGCAATCATC AAACCATCAA ATGATGAGTC CAAAAGCAAA 240  
 45 TATGCATTCA TCAAATCATC AAATGAACCA AAGTAACAAA AAAGTTTAC CAGCTGCTGG 300  
 TGAAAGTATG ACATCAAGTA TTCTTACTGC AAGTATTGCC GCACTACTAT TAGTATCTGG 360  
 GTTATTCTTA GCATTTAGAC GACGTTCAAC AAATAAATAA ACATAATACG ATTAATAATA 420  
 50 GAAAAATCGT GTGATTATCT GaGGGAGCCT AGGACATAAA TCAATGTCCT AGGctChCTA 480  
 AtGTTATATT GGCAGTAGTT GACTGAATGA AATTGCGCTT GTAACAAGCT TTTCCATTTT 540

CGATTGTCTT ATACGTGTCA GTGTAAATTC AGATATTTCC TGTGGAATAT ACCACTTATT 660  
 AATCATAATT GGATAAGGTG tTTGTGCGTA CAGTGTTCATA ATAATCAGCC AACAAATGTGT 720  
 5 ATCACCAtCA AACACGTGAC TATGATTTTk GAAGTGGGGC GCTTTGGTAA TAGACATTTT 780  
 TAAATCTGAT TGATATGCAT TGCTATAAAT CGTTTGCTCA ACGAATGTCT TCATGTCGTC 840  
 TTCGTTTTGT GTATTCACCT TAAATGTGTC AATGACATTT AACGGTATAA AGGTAAAGCA 900  
 10 AAATGCATCA GCTTGCTTAG AATGATTGTC CTTTTTTTGA TAATAGCGTT CCATTGCAAT 960  
 GACGGCAGAA GGATGGTTTG CAAACAAATG ATTTGTATAT TCACCTTCTA AATCAACACG 1020  
 15 ATAATTAATT GATGACATAG ATACGCGAGC TAGCAATATT TGATCAAGTG GATGCTTAAA 1080  
 TTGATCCATA CTTGAAGCGT GTTGGGCATT TGTTTGTGGA ATAACAAAGT GTCCCTTCCC 1140  
 TCTTGACTC TCTACGATGC CATCTTCGGC TAACAATTTt ATAGCTTGGC GCAAAGTCAT 1200  
 20 ACGACTGGAC ATCAAAGCGC GCACAAAGTT CTTTTTCAGT AGGTAATGC 1249

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:

## (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:

AATGATGATT CATTCAAAGA AATTAAACGCT CGGTATATGC TTGGTATTAC TCATTATATT 60  
 GATTGTAGGT TATGTCATTA TGACAAAAAC AAATGGTCGA AACGCCCCAA TTAAGACAC 120  
 35 ATTTAATCAA ACATTAAAAT TATATCCAAC CAAAAATCTC GATGATTTTT ACGATAAAGA 180  
 AGGCTTTCGA GATCAAGAAT TTAAAAAGGG TGATAAAGGT ACTTGATAG TTAATTCTGA 240  
 40 AATGGTAATC GAGCCAAAAG GTAAGGATAT GGAAACGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAA 300  
 TCGCAATACT AGAACCACAA AAGGGTATTA TTTTATAAGT GAAATGACAG ATGACAGTAA 360  
 CGGCAGACCA AAGGATGATG AAAAAAGGTA TCCGGtAAAA ATGGAACATA ATAAAATCAT 420  
 45 ACCAACGAAG CCACTACCGA ATGACAAGTT AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT 480  
 TGTACAATAT GGCAACTTTA AAGATATTAA TGATTATAAA GATGGTGATA TTTCATATAA 540  
 TCCTAATGTA CCAAGTTATT CGGCAAATA TCAATTGAAT AATGATGATT ATAATGTCCA 600  
 50 ACAGTTaAgA AAAAGATATG ATATTCCAAC CAAACAAGCG CCGAAACTAT TATTGAAAGG 660  
 CGATGGAGAT TTAAAAGGTT CATCCGTAGT TcTAGAAGTC TTGAATTAC CTTTGTGCGAA 720



## EP 0 786 519 A2

AGGTATGAGT CAAACTGAAT ATCAAATAAA ACCTGGTAAT ATAACAAGTA ACTCTGAAGA 840  
 AACAAAGTTCG ATATCTAAAG TGAGCTGTGA AATATAGGTA GCCATTTCAA AAAATTTAAA 900  
 5 GGTGAATTTG ATAATGTAGC TCAAGGAGAT TGGGTAAAA AGGCGAAGAA TGAAGTGGAT 960  
 GATATTAGTA AGAAATTAAA AAATATTCAA AGAACGGAAG TTTAATAGCT TATATGATTC 1020  
 TTGGAGCTAA GACAGCATGC GTTCATTCAT GCCATTATTA ATATAAGCAC CGCAACAAAA 1080  
 10 AAGCTTCTAA TGTGATACAG GAACCTCATA TTCCGTATCA TGTTAGAAGC TTTTAATGTC 1140  
 TAAAGAACAT CTACATTTTA TCATATTTTC TGACTTATTA AACTTTTATA TAATTAAATA 1200  
 TTTCTTAATT TTCCAAAATA GTGATAAATT TGTGAAATAC ATCACAAATC CCTTTATTTA 1260  
 15 TTTGGAAATT CATGTAATAT TAGACTTGTA AGAAGTTAAT AAATAGAGAG AGACGAGAGA 1320  
 GTTTATATAA ATACTATATA AACATTGGAG TGATGATTAT GAGAAAAGAG ATTGAAGCGC 1380  
 20 TTATTTTCTC AGACGTAATA GCTATGATAT TTACGTGAAC ACTGGTGTA ATCAAGGATT 1440  
 AATTGGTGAC ATCAAAGATG GTTACCTAAC TATTGATTCT ATGCCTTACA TTGATGCTGA 1500  
 GCGTTTGTAT CACTTTGCTA TGGAACGTAA ATCGTTAGTC ACTAACTAGT TCTTATTGCC 1560  
 25 AATGATTACT ACCCCTAGTC GGCGGCAATT GAAGTGTGAT TGATGTAAT TGCCCTCGTT 1620  
 GGTGAGCAAT TGAGGGCAGA CCCCTTTAAT TAAGTAAACC CTAACCTCCC ACAAATCTGG 1680  
 AACGATACTA AAAGCCACGT CCTATATTGG ATGTGGCTTT AGTCAKACTT ATATTATTTT 1740  
 30 tAAAACGATT ACCTACAAGA TTTACATATA AAATTCTATC ATGnCTGC 1788

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 391:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2407 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 391:

GCAAGTTTAG TTAAACAGAT ATTAAAACCA GATCAATATA CAGATGCAAA TTCTCTATTA 60  
 45 GAGATTAGTT TGCAAACAGG TATGTTTATT GCAGGTGGAT TATCAGGAAT ATTATATAAA 120  
 ATAAATGGAT TCACTCTAAT TATAGCGATG ACTATAATGA TGTTTCTAAT CAGCATTTTT 180  
 ATGTTATTTA GATTGCATGT AGATAAACCA ACTCATTAG AGGAAGAATC AACAAATAGC 240  
 50 TTATTGCAAG AATATTTTATT AGGATGGAAA TTTTAAAAAG ACAACATGAT GATATTTTATT 300  
 TTTGGAGTTA TTTCAATCAT ACCAATGGTG TTTACAATGA TCTTTAACAT ATCATTACCA 360

	TATGGCATTG GAGGATTATG TGCAGGTTTA ATTTCAGCTA TTCTTTTCGAA GAAAATCTCA	480
	ACTAAAGTAT TGATATTTTT GTTATATTTT ATATTAGTCA TAAATTCAGC ACTATTTATT	540
5	TGGATAAACT CAGCATTTTA CTTATTCATA GGATCATTTA TACTAGGCTA CTCAATTTCA	600
	TCAATCAGAA TTTATATGAA TACAGCTATA ATGAACACTG TTTCAGATAA ATATGTCGGT	660
	CGCTCATTTA CGATATGGAC GTCAATTTCA TTGTTACTGC AAAGTTTAAT TGCTCCATnT	720
10	TTAGGAAGAT GGATTAATGA AATTAATGAT AAATTCGGTT TCTATATTAT ACTCATTTTA	780
	TCCTTACTCA TATTTGTaCA CTGCTGCTTG TTAACAAAAC AGACAAAATA AAATATGCAC	840
15	ATAAGAAGA GTGACCGTCA CTCTTCTTTA ACAAGCGACC ATTTATCGaT GGGCTTAGTT	900
	CTCTCTGCAC CCACACTTCA CTACTTCACT TTTTCAAATC ATTTTTTATG GTCTTAAATA	960
	AATCAGTGAG ATTTGTTGCT TCGGTAAAGT CTAGAATTAA TATCATTTCT TTAGAACCTG	1020
20	GATATGGCGA AACTAATGTA TTATCTTGCA ATTTCTGCTG GGCACTTTTA GTCGCCTTGA	1080
	CCAATAATCT ATTATCATAC AAACCACCTA TAACCACGCC ATCATAATAA ATAATATATT	1140
	CTCCCATCAT CTTTCTTGTC TTAACCGCGT TTGAATTCAC ATGATTTAAA AATAAATCAT	1200
25	GTACATCTTT CTTAGTCGCC ATTGTAATCG CTCCTTCAGT TTTATGTTTA ATCACATTCTG	1260
	TATTAATGAT TCATTTCTGTG TTGCTCTTAA TTTTATCTAT AATTATATGC GTAGTTAAAA	1320
	TCAAACCTAT GGAAAAGAAA ATAATGATAA CAATGTTAAG AAATATAGTT ATAAAATTAT	1380
30	AGTTTGGAAG GTATGCGAAT AGCAGAAAAA TAGGTATCGC AAAAAATAAA TCCCACCAAC	1440
	CTAAACTTTT TAAAGAATGC TTTAAACCTT CCATAATATC ACCTTTATAA ATTTGTCTTT	1500
	GTTATAAGAT AACTAAAAAA TCGCTTTACT GTAAAAGTAG CCAAAGAAAA TTCTGAATCA	1560
35	TATTCATAAG TAGTGTATCA TTAATAATGA ACAATTTAAT ACTATAATCC TTGATCTTTG	1620
	TATTGATCAA CTTACCACAA CATTTATTTT AGACTACTCT TAGACTTCCC TTTCAAATGG	1680
40	TTGCATCTAT TGAAATTCCT TTTGTATAAG TTAGGCTTTT GTGGTAATAT CATCATGCAT	1740
	AAAAAATCGA GATACTAATT ATAAAGAGGG TATAAATATA TTATGAAAGA AAATTTTGG	1800
	AGTGAATTAC CACGTCCATT TTTTATTTTG GCGCCAATGG AAGACGTTAC AGATATCGTC	1860
45	TTTCGACACG TTGTAAGTGA AGCAGCTAGA CCGGATGTGT TTTTCACTGA ATTTACAAAT	1920
	ACTGAAAGCT TTTGCCACCC TGAAGGCATA CATAGTGTGC GCGGACGCTT AACTTTTAGT	1980
	GAAGATGAAC AGCCGATGGT CGCTCATATA TGGGGAGATA AGCCAGAACA GTTCCGTGAA	2040
50	ACGAGTATTC AATTAGCTAA AATGGGCTTT AAAGGCATAG ACTTAAATAT GGGATGTCCT	2100
	GTAGCAAATG TTGCTAAAAA GGGTAAGGGT TCCGGCTTAA TCTTAAGACC TGACGTTGCT	2160

55

EP 0 786 519 A2

	GGCTACTATG AAATCGATGA ATGGAAAGAT TGGTTGAAGC ACGTCTTCGA ACAAGACATT	2280
	GCCAATTTAT CTATTCATCT TCGTACACGT AAAGAAATGA GTAAAGTAGA TGCACATTGG	2340
5	GAATTAATCG AAGCTATTAA AAATTTACGT GACGAAATTG CACCAATAC ATTGTTAACA	2400
	ATTAACG	2407

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 392:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2424 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 392:

20	ATGATGnATG GCnCCGCCAA GAAGTTGAAC CAGTCTATTG GCTAGAATTG CTCAAAAAGC	60
	GAGAcATGTG GTATTCaTAT GTTaGTagCt ACGCAAAGAC CATCTGTCAA TGTAATTACA	120
	GGTTTAATTA AAGCCAACAT ACCAACAAGA ATTGCATTTA TGGTATCATC aAGTGTAGAT	180
25	TCGAGAACGA TATTAGACAG TGGTGGAGCA GAACGCTTGT TAGGATATGG CGATATGTTA	240
	TATCTTG GTA GCGGTATGAA TAAACCGATT AGAGTTCAAG GTACATTTGT TTCTGATGAC	300
	GAAATTGATG ATGTTGTTGA TTTTATCAAA CAACAAAGAG AACCGGACTA TCTATTTGAA	360
30	GAAAAAGRAAT TGTTGAAAAA AACACAAACA CAATCACAAG ATGaATTATT TGATGaTGTT	420
	TGTGCATTTA TGGTTAATGA AGGACATATT TCAACATCAT TAATCCAAAG ACATTTCCAA	480
	ATTGGCTATA ATAGAGCAGC AAGAATTATC GATCAATTAG AGCAACTCGG TTATGTTTCG	540
35	AGTGCTAATG GTTCAAAACC AAGGGATGTT TATGTTACGG AAGCAGATTT AAATAAAGAA	600
	TAATTATGAG TAAGGAGTTT TATATAATGA CACACTATCA TTTTGTCGGA ATTAAAGGTT	660
	CTGGCATGAG TTCATTAGCA CAAATCATGC ATGATTAGG ACATGAAGTT CAAGGATCGG	720
40	ATATTGAGAA CTACGTATTT ACAGAAGTTG CTCTTAGAAA TAAGGGGATA AAAATATTAC	780
	CATTTGATGC TAATAACATA AAAGAAGATA TGGTAGTtAT ACAAGGTAAT GCATTCGCGA	840
45	GTAGCCaTGA AGAAAtAGTA CGTGCAATC AATTGaAATT AGATGTTGTA AGTTATAATG	900
	ATTTTTTAGG ACAGATTATT GATCAATATA CTTCAGTAGC TGTAAGTGGT GCACATGGTA	960
	AAACTTCTAC AACAGGTTTA TTATCACATG TTATGAATGG TGATAAAAAG ACTTCATTTT	1020
50	TAATTGGTGA TGGCACAGGT ATGGGATTGC CTGAAAGTGA TTATTTTCGCT TTTGAGGCAT	1080
	GTGAATATAG ACGTCACTTT TTAAGTTATA AACCTGATTA CGCAATTATG ACAAATATTG	1140

	TGGCACATAA TGTTAAAAAA GGTATTATTG CTTGGGGTGA TGATGAACAT CTACGTAAAA	1260
	TTGAAGCAGA TGTTCCAATT TATTATTATG GATTTAAAGA TTCGGATGAC ATTTATGCTC	1320
5	AAAATATTCA AATTACGGAT AAAGGTACTG CTTTGTATGT GTATGTGGAT GGTGAGTTTT	1380
	ATGATCACTT CCTGTCTCCA CAATATGGTG ACCATACAGT TTAAATGCA TTAGCTGTAA	1440
	TTGCGATTAG TTATTTAGAG AAGCTAGATG TTACAAATAT TAAAGAAGCA TTAGAAACGT	1500
10	TTGGTGGTGT TAAACGTCGT TTCAATGAAA CTACAATTGC AAATCAAGTT ATTGTAGATG	1560
	ATTATGCACA CCATCCAAGA GAAATTAGTG CTACAATTGA AACAGCACGA AAGAAATATC	1620
15	CACATAAAGA AGTTGTTGCA GTATTTCAAC CACACACTTT CTCTAGAACA CAGGCATTTT	1680
	TAAATGAATT TGCAGAAAGT TTAAGTAAAG CAGATCGTGT ATTCCTTATGT GAAATTTTTG	1740
	GATCAATTAG AGAAAATACT GGCGCATTAA CGATACAAGA TTTAATTGAT AAAATTGAAG	1800
20	GTGCATCGTT AATTAATGAA GATTCTATTA ATGTATTAGA ACAATTTGAT AATGCTGTTA	1860
	TTTTATTTAT GGGTGCAGGT GATATTCAAA AATTACAAA TGCATATTTA GATAAATTAG	1920
	GCATGAAAAA TCGGTTTTAA TATGTTTATA ATAGAGTAGT ATGGGTATTT ATTATTAATG	1980
25	ACATTATTAC ATGTTAATTA GGAGGCGTTT TTAATGGATT GGATTTTACC AATTGCTGGA	2040
	ATTATCGCTG CGATTGCATT CTTAATTTTA TGTATCGGTA TCGTAGCTGT ATTAAATTCT	2100
	GTTAAGAAAA ACTTAGATTA TGTTGCAAAA ACACTTGACG GTGTAGAAGG TCAAGTTCAA	2160
30	GGTATTACTC GTGAAACAAC AGATTTACTT CATAAAGTAA ACCGTTTAACT TGAGGATATC	2220
	CAAGGTAAAG TAGATCGTTT AAATCAGTT GTAGATGCTG TTAAAGGTAT CCGTGACTCA	2280
	GTACAAACGT TAAACAGCTC TGTAGATCGT GTAACAAATT CAATTACACA TAATATTTCT	2340
35	CAAAATGAAG ATAAAATCTC ACAAGTTGTT CAATGGTCAA ATGTTGCAAT GGAAATTGCA	2400
	GACAAATGGC AAAATAGACA CTAC	2424

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 738 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:

50	CnATAATATT CnTCAAnCCT TTAAATAGAG GAATAGACTG CCGACAGAGT CCGAGACTTT	60
	GTGGGTAGTT TTTTtagTTT TGATAACGGA AGTTAGAGGC TCTCTGTCAA ATTGGGCAGA	120

AGTGTAAGT TTTCAACATA ATACTATTAG TTCGGTCATG TATCGGACTG ATGGAAAAGC 240  
 GTTTCACCTT TAATGACTCA TTAAGAACGG CCTGAAAATG TTTGGCGTAT TAAGTGCAAT 300  
 5 GATAGTTTTG ACATTTAGTT TCTAATTGGT CATTACTGCC GAGCAAATCT AGTAGAGTAA 360  
 TCATGTAAAT CTTTAATGTG CCATTGATT CACTAGCGGT GTTAATAACT ACGGAAATG 420  
 CATTCCGAC TGAAATTTTT GAAAAATATC AACGTACGCT ACAAATAAAA TTTTAACTG 480  
 10 TTATAAATGT GTCTCAATTT CATATGTTCA TCGACGATAT GAAGCGTATT ATGGTAAAAT 540  
 GAAGAAATAA TAACTTGTT AATAAATAAA ACATCACGAT TTGACTAAAG CACTTTATTA 600  
 15 TTGTGTAGAT AATAGTTTTT TAACGAAATA AAAATGGCGA CTGGTTTTAA TAAATCAGCT 660  
 AATGAATCAC TACACCTATA AGTATGAATA TAGTGATTAG AATGCTTTGT ATAGTTGGAT 720  
 TTTGCAAAAT TGATGTTA 738

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 394:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1270 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 394:  
 30 AAAAGTTGTA ATTAAAAGTG GGATTTTACT TAAGnnAGAA GGAACTATT TATATGACTA 60  
 ATAAAAGAGn AGATGTCCGC AATATAGCAA TTATTGCTCA CGTTGACCAT GGTAAAACAA 120  
 CTTTAGTAGA TGAGTTGTTA AAACAATCTG GTATATTGAG AGAAAATGAA CATGTCGATG 180  
 35 AACGTGCAAT GGACTCTAAC GATATCGAAA GAGAGCGTGG AATTACGATT CTAGCCAAAA 240  
 ATACGGCTGT TGATTATAAA GGTACACGTA TTAATATTTT GGATACACCA GGACATGCAG 300  
 40 ACTTTGGTGG AGAAGTAGAA CGTATTATGA AAATGGTTGA TGGGGTTGTC TTAGTAGTAG 360  
 ATGCGTATGA AGGTACAATG CCTCAAACAC GTTTTGTAAT TAAAAAGCG CTAGAACAAA 420  
 ACCTGAAACC TGTGTTGTT GTTAATAAAA TTGATAAACC ATCAGCACGT CCAGAGGGTG 480  
 45 TTGTAGATGA AGTTTTAGAT TTATTTATTG AATTAGAAGC AAACGnTGAA CAATTAGAAT 540  
 TCCCTGTTGT TTATGCTTCA GCAGTAAATG GTACAGCTAG CTTAGATCCT GAAAAGCAAG 600  
 ATGATAATTT ACAATCATTG TATGAAACAA TTATTGATTc ATGTACCAGC TCCAATTGAT 660  
 50 AACAGTGATG AGCCCATTAAC AATTTCCAAG TAGCATTGTT GGACTACAAT GATTATGTTG 720  
 GACGTATTGG TATTGGTCGT GTATTCAGAG GTAAATGCG TGTCGGAGAT AATGTATCAC 780

55

GATTAAAACG TTTAGAAATT GAAGAAGCAC AAGCTGGAGA TTTAATTGCT GTTTCAGGTA 900  
 TGGAAGACAT TAATGTTGGT GAAaCTGTAA CACCACATGA CCATCAAGAA GCATTGCCAG 960  
 5 TTCTACGTAT TGATGAGCCT ACTCTTGAAA TGACATTTAA AGTTAACAAT TCTCCATTTG 1020  
 CTGGCCGTGA AGGTGACTTT GTAACAGCAC GTCAAATTCA AGAACGTTTA AATCAACAAT 1080  
 TAGAAACAGA TGTATCTTTG AAAGTTTCTA ACACAGATTG TCCAGATACA TGGGTAGTTG 1140  
 10 CTGGTCGCGG TGAATTGCAT TTATCAATCC TTATTGAAAA TATGCGTCGT GAAGGTTATG 1200  
 AATTACAAGT TTCAAAACCA CAAGTAATTA TTAAAGAAAT AGATGGTGTA ATGTGTGAAC 1260  
 15 CATTGGAACG 1270

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 395:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1365 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 395:

AAGACCAGGA GAACAmGTAA AACAAATATAC AGTTGaAATC GCTCGTAAAT TAATGGAATT 60  
 TGATATAAAA TGCTCGTGAT TGCTTGTAAG TACGCAACTG CTGTnGCTTT AGAATATTTA 120  
 30 CAAAAGACCT TATCAATCCC CAGTGATTGG CGTAATTGAc CAGGTGCTAG AaCAGCAATA 180  
 ATGACTACTA GAAATCAAAA TGTATTAGTA CTAGGAACGG AAGGCACAAT TAAATCTGAA 240  
 GCATATCGTA CGCATATTAA ACGTATCAAT CCACATGTAG AGGTACATGg CGTTGCCTGT 300  
 35 CCAGGTTTTG TGCCACTTGT AGAACAAATG AGATATAGTG ATCCAACAAT TACAAGCATT 360  
 GTCATTCAATC AAACACTGAA ACGTTGGCGT AATAGTGAGT CTGATACTGT CATTTTAGGA 420  
 TGTACCCACT ATCCATTGCT CTATAAACCT ATCTATGATT ATTTTGGTGG TAAAAAGACA 480  
 40 GTGATTTTCGT CTGGATTAGA AACGGCTCGT GAAGTTAGTG CATTGCTAAC ATTTAGTAAT 540  
 GAACATGCAA GTTATACTGA ACATCCAGAT CATCGATTTT TTGCAACAGG TGATCCTACT 600  
 CACATTACTA ACATTATCAA AGAGTGGTTA AATTTATCTG TCAATGTGGA ACGTATATCA 660  
 45 GTGAATGACT AGGAGGATTT TTAATGAAAG AGATTGTTAT TGCATCGAAT AATCAAGGGA 720  
 AAATAAATGA CTTTAAAGTA ATATTTCAG ATTACCACGT AATAGGTATT TCAGAACTAA 780  
 50 TACCAGATTT TGATGTGGAA GAAACAGGAT CAACATTGA AGAAAATGCT ATATTAAAAT 840  
 CAGAAGCTGC TGCAAAAGCA TTGAATAAAA CGGTCATAGC TGATGACAGT GGACTIONAAG 900

EP 0 786 519 A2

	GCGATGAAGC AAATATTGAA AAATTATTAA ATAAGCTTGG TAATACAACT GATCGTCGTG	1020
	CGCAATTTGT TTGTGTCATA AGTATGAGTG GCCCTGATAT GGAAACAAAA GTATTTAAAG	1080
5	GTACTGTTTC AGGTGAAATT GCAGATGGAA AATATGGCGA AAATGOTTTT GGATATGATC	1140
	CGATATTTTA TGTACCGAAA TTAGATAAAA CCATGGCTCA ACTTTCAAAA GAACAAAAAG	1200
	GGCAAATTAG TCATAGACGA AATGCGATTA ATTTACTTCA AGCTTTTCTT GAAGGTGATA	1260
10	AAAATGTCTA AATGGATTAT TGTGAGTGAT AACCATACTG AATCAGGCGT TTTATATCAA	1320
	ATTTATGAAA TGCACCCAGA TGCAGATGTA TATTTACATT TAGGA	1365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 396:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1383 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 396:

25	AATTCCTGGT GCAATAATAA ATAGGATGAA AAAGATTCGG AAAATATGAT AACTCGTAAT	60
	CATAGCAACA TCGGCACCAG TAGCTAATGC AACTAAACT ATCTGATTAA CCCCTCCTGG	120
	TGCTGCACCA AGaAACAATT CATTAAATAGG ATTATTATCA AAGAAATGTA TGATATAAAC	180
30	CATGATTAGC GCACCAATTA TCAACATAAT ATTTTGAATT GTAATTGCGA TTGCTAGTCT	240
	ACCTTTTAAA TCTGACAATA AATGCGCAAT TTGAACTCCA ATTCTAATCA TATATATTAG	300
	TTGTGCCATG TTCAACAACC AATGATCTAG TGTAATGTT AAACCTGTAG AAAAATTCCA	360
35	AACAATTAAT ACAATGAGTG GTGCTAATAA TTGAAATGTT GGAAACTTTA TTTTAGACAT	420
	AATTAGATAA ACTATAAAGA TAGCTATCGC TAAATAACT ATTTGCCCTA TGTTTAATAC	480
	TTGTGATAAA GGCAAGACTT TTGTTAACTT TCCATTCGCA TGCATGTTAC CATCATGAAA	540
40	AAAATATGAA ATGAACGGTA CTAAAACAAC AACAAATATA ATTCGTGATG TTTGCGTTAA	600
	GCTAACAACCT AACAAATTAG CACGTTTGTC TTGTTTCAGCC ATGACCAGCA TTTGTGTTAG	660
45	TGCTCCTGGT ATAACACTTA AAATAGCTGT TTCTGTATTA ATACGTGCAA TTTTTTAAA	720
	AACAAATGCC ATTACTATTG CAATTAATAA TATCGAAATA GATACAACAA TAATCGAAAG	780
	CCAATTGTTT TTAATATCCA TAACGACATT TTTCGTAAAC GTTGATCCGA TTTGCACACC	840
50	TAATAGTACA ATACCTAATT CACTAAGTAA GAATGGCCAT TTAATATCAA GTTTGAAAAC	900
	TTTACACAA ATGATTGATG CGATAATAGG ACCAAACATA AATGGAAGTA ATACGTGCGA	960

TATCATTGCC ATGTTTTCCA CTTCTTTCAA TAAAAAATAA AATGACTAAA TTGCTGCTTG 1080  
 AGCTTCACGT TTGTTAAGAT AACAAATATCC GCTAGCAGTT tTGACTACAA AGCATATATG 1140  
 5 GaCTTTCACT ATCAAGTCGC CGCCCATGCC TTATATACAT TTAAAAAGAG CCTGAACAAA 1200  
 GTTCAGGCTC TCAATTTGTC CGTATATTTA TTTTACAATA CGACTTAAAG CCGTATCAAA 1260  
 TGCTTGAATC GTTTTTCAAT ATCTTCTTTC GTGTGTGCCG TAGATAAGAA TGTACCTTCA 1320  
 10 AATTGAGATG GnGGnAAAAA CACACCTCTT TgNCATTCTC GGTACATTTT TGCAATAATT 1380  
 TCC 1383

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 397:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 415 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 397:

TCCACTAANA TGATTACAAT TGCATTAGTT TGGTGGAGTG CATTTACAAT CTTAACGGGT 60  
 ATGATTGAAGA ACCACGGTTT AATTaTTTAG TGAGATTCTT ATTTGGTGTA GGTGAGGCGC 120  
 CAATGTACCC TTCTAATGCT GTGTTTAATT CATTTTGGTT CTCTAAAAAT GAAAAAGGTA 180  
 30 GAGCATCAAG TGCATTATTA GCAGGATCAT ATTTCCGACC TGTATTAGCA CCAATAGTTA 240  
 CAATTGCTAT TGTTAACGCA TTTAACTGGC AAGCAGTATT TTACATTTTT GGTGCAGTAG 300  
 GTATTTTAAT GGcKGTATtA TGGGCGATTA TTGCCAAAGA CTTACCTGaG CrACATAGwa 360  
 35 TGGTTAATGA AGCGGAGAAA CGTTTCATTA TGGAAAATCG TGATATCGTA GCTAC 415

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 398:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1141 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 398:

TTTTAGaTaA aTyCAATTnT CyATaCTaAA TgATTnTCTT ATTaCGTCAA TTcGCCTTTT 60  
 50 aTTTTATCGT AATCTTTCCa CTGCAAAGCT AAAGCTTCTC CTATTCTAAG ACCAGAATAA 120  
 AATAACAGTC TAGTTAGCTG ACGAGAAGTA TCATTTGTGA TTGTTCTAC TTTTTCATCA 180



AATGTGGGGT CGTATAAGAG CTTGTAATGC TTTTGGCGT AATTGATAAC TGCTTTAAAA 300  
 CCTGCCCACA CAGATCGTGC ATAGTCAACA GAAAGACCTG CATCGTTTAA CAAATAATTC 360  
 5 CTGAAAGCAG TACATTGCGT AGTAGTGATT TTGCCAATAG GGATATTTCC GAACCTTTCT 420  
 TTTATGTGAG TATTATATTC TGTAGTTCGC TTTTCTATTG AGCGTGCAGA AAGATTTTCA 480  
 TTTTTTAAAC GATCAAAAAA TATATATTCA AAGGGTTGAT TGTCCGAGTA TCCATATTTA 540  
 10 ACATTTTGTA TAAATTCGCT TTCAGCTAGT TTGGCATCTT TCTTACGTTC AAACCCACGC 600  
 TTCATTTTTC GTTTGTTATT ACCGTATACA TCTTTATATC TAATGGAAAA ATACCATTTA 660  
 CCTGTATTAT CATCCTTATA TACTGGCATT TTGCTTCTCC CTCCTCAAAA TTGGCAAAAA 720  
 15 ATAATAAGGG TAGGCGGGCT ACCCGAAATT TAGTACTAGG TACTAAATGT GATATAATAA 780  
 AATAAAAAGT AGGTGATGTT ATGACATTTA AAAACAATCA TAATTTCAAT GAATTAGTTT 840  
 20 TAACGAATGA AGACATTAGA ATTTTAAAAA ATGTCTTAGA AGATGCAGTC AGTGTTTATG 900  
 ATGAATATTC GGTATGTAAT GAAGAATCCG ATTTTGCTTA CTGTTTATTA AGAGACTTAT 960  
 ATACATTAGA CAGCTTAGCT ATTTTCGTCAA ATAATGTTTG AATTATCGAA TTGTACTCTT 1020  
 25 CGATTTTAAT ACCATGCATA ATAGAGTTTC TGTGTTCAAT AGCAGCTTTG ACTGAATGtK 1080  
 TTAAATGTTT TCTATTAAA TCGTTGTTTt CCAtTTCGtK TAaAAATGtT CyTATATTCC 1140  
 T 1141

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 399:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 706 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 399:

40 ACTGTGGTAG GTTTTTTATT TTGAAGTATT AATCATAACA GACTAATAAT CATGAGGTAA 60  
 CTAATAACAC ATATTTAACT TGTATTCTTA AACTGGTATA ATAAATTTAT GTTGAAATGA 120  
 ATATTGTATG ACAGGGTATT CACTTTTATT AAAAGGTAAA ATTAAATAAA GGTTTTATAG 180  
 45 AACGTATTTA AATATATGAG GAGTAAACAA ATGGCTGATA GAACGAATAA AGAAATTAAA 240  
 ACAGGACGCT TTATTGCAAC TGCATCAATC GTATTCTCAA TATTATTGAT TATTCATTAC 300  
 50 TTTGTTTCGT TGGATAATGC GACTGCCAAA GCATTACTTA ATTTAACGAA TCAAAACACT 360  
 TCAGATAAAG CGATTGATTA CATTTTAAAC AGCTTTAGAT TCACTGGTAT TATGTATATT 420

55

ATGTTTGCAG TTTATGTATC AAATAGTTTG TTTACGTTGA TTAATTTATC AATCACAATT 540  
 CAAGCAATAA AAGCTGCACA CGGTGCGTAC TTAACATTGC CAATTTTAAT TGTTATTATA 600  
 5 GGTTGCGTTG CATTAGCGAT TTATATGCTT GTTGTCTTCTA TCAAACGTAA AAGTACATTT 660  
 AATCGCTAGA AAATTGATTT TAACAATAAA AATATGAAAA AAAAnn 706

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 400:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1187 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 400:

ACACAATCTG AAGATTCACG TTGTGGTGCT GGACATGATC GAAAAATTAG AGCTGAACAA 60  
 ATGAnAGAAA TCAGTGATTT TGTAAAAAG AAAAATATCC CTAAAGATGA AACGGTATAT 120  
 ATAGGTGGCG ACCTTAATGT CAATAAAGGC ACTCCAGAGT TCAAAGATAT GCTTAaAAC 180  
 25 TTGAATGTAA ATGATGTTCT ATATGCAGGT CATAATAGCA CATGGGACCC TCAATCAAAT 240  
 TCAATTGCGA AATATAATTA CCCTAATGGT AAACCAGAAC ATTTAGACTA TATATTTACA 300  
 GATAAGATC ATAAACAACC AAAACAATTA GTCAATGAAG TTGTGACTGA AAAACCTAAG 360  
 30 CCATGGGATG TATATGCGTT CCCATATTAY aCGTTTACAA TGATTTTTCa GATCATTACC 420  
 CAATCAAAGC CTATAGTAAA TAGTGCTCAA CTAACtAATA ACTTGCTtCG TTCTAAAAGG 480  
 ACGAAGCGAG TTATATTGTT AAAATTTGAA TTGACTTACA TTTTAATAAA ATCATCTTAA 540  
 35 CAACTTTAAT TTTTCaTTAA TACAaGTCTT TACTCTACAC TCAAACnAGA TTCATACACT 600  
 GCACGTCATA ATAAATCTAT CTATTCAAAT ATAAATAAAA GTTACCTACT ACATTCTATG 660  
 40 TAGCAGGCAA CTTTTATTAC TTATTTCTTT TCATTATCAT TAAGTACTTT TACAACTTC 720  
 ACATTATGTG TCTTCCAATC AACTTCATAT AATGCTGATA ATTTTCTTC TTTTTATCT 780  
 ACATGGTTTT CACCAGACCA ATAGCCCCAG AAACCATGGC GATTCCAATC TATTTTAAAC 840  
 45 TCATCCATTG ATCTTTTATA ATGAACAACA AATTGTGATT TACCTTTGTC TTTTTATCA 900  
 TGTGACATAA CAGCTAAAAA TTCTGGATTA AACCTTCAG ACACAGTTAC AGGCATTTTG 960  
 TCTTTAGGTG TGAAATTATC TTTGCCCCAT AAATTTCCAT TTCGTGTTAA AGAAAAAATT 1020  
 50 TCACTTTtag TTCTATTATC ACTATCATTa GTTAATTGTC TCGTATGGTC ATGTCCCATA 1080  
 TTATTTATCA AATGTGCTTC TACTTTCCAA CCTACACCTT TATGTGACGT AGATTGATCA 1140

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 401:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 847 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 401:

CCAGAATTAT TTTTCAAAA AGGACAATTT AACAAATGTCG ATAACGTTAT CATAAGCAAA 60  
 CCGATGAAAG GGACAATGCC TAGAGGTAAA ACGGAaGCTG AAGATCAACA GTATTATAAA 120  
 ACATTGCAAA CTTCTTCGAA AGATCGTGCA GAAAATGTCA TGATTGTTGA TTTACTAAGA 180  
 AACGATATAG GGAGAATATC ACAGAGTGGC TCAATTAAGG TGTATAAACT ATTTTTTATT 240  
 GAGGCATATA AACTGTATT TCAAATGACT TCGATGGTAA GTGGAACTTT AAAAAATAAT 300  
 ACAGACTTAA CTCAAATTTT AACATCGTTA TTTCCTTG TGTCGATTAC AGGTGCACCG 360  
 AACTGAATA CAATGAAATA TATTAAACAA TTAGAAAGTT CACCTCGTGG TATATACTGC 420  
 GGACAATTGG ACTATTACTT CCAACTGAAG ATGATAAAAT GATTTTTAAT ATTCCGATT 480  
 GCACTATTGA GTATAAATAT GGACAAGCGA TTTATGGAGT CGGAGCAGGT ATTACAATTG 540  
 ATTCTAAGCC AAAAGATGAA GTGAATGAAT TTTACGCAAA AACCAAGATT TTGGAGATGT 600  
 TATAATGCAA TTATTTGAAA CAATGAAAAT TGATAATGGA CATATCCCTA GACTTACTTA 660  
 TCATACTAAT CGCATAAAAT GTTCTTCTGa GCGATTAAAC TTTAAATTTG ATGAACATGC 720  
 ATGGCGAAAT GAATTAAACG ATGTAACAAC AAAGTATCAC AGTGGTCAAT ATAGACTTAA 780  
 AATCGTATTA AATGCTGAAA GCAAATTTGA AACGATAGTG TCACCTTTAC CTGAGAAAAG 840  
 TAGTTTT 847

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 402:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 740 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 402:

TGAAGATGAA GCAGAAGCAG AAGACAATCT GCTACGAGTA CAATCGAAGA AAGAAGAAGT 60  
 GTATCGTCGA TTA CTGCTT CTA ACTTAA C AAGCGTTCCT GAAAGTTAT CATCATGAAA 120

GTTAAACAGT TAAAAGATAA AGTGTCTAAA ATTGTGATTC AAATGAATAC ATTTGAAGAT 240  
 GAAGCAAATG ATGTTCTTGT TAATGCTGTT TATGCAGAGA AATTAATTCA ATATGGAAAT 300  
 5 AGATATCGTA AGGACTATAG CAATGTTGAT AAGAGCTTAA ATGAAGCTGA ACGATTATTT 360  
 AAAAATAATC GCTATAAGCg TGCGATTGAA ATTGCAGAGC AAGCTCTTGA AAGTGTGAG 420  
 CCAGGTGTTA CTAAACATAT TGAAGAAGAA GTTATTAAGC AATAGAAACT AGTATGTAGT 480  
 10 TATACTTAAA TAATATGAGC ACTCTGTCAA ATTGGACTGA TGAGTTTAAT AATTGAAGTT 540  
 AGCCAACGAT ACGTTGTCTA GCTTCTTTTT TATATGGATA AATGaaAGGG ACAATAAATA 600  
 15 TAAATAGCAA TTGTTTAAAG ATAAACGTAA TCAAATGTGT TGTTTTAATT AATATAAGTA 660  
 GTGAAAAAAG CATAATCACA CAGCTGTTTA AATAGAGTGA AATAGTCTAA TTCTTATTTA 720  
 ATAAGTAGAA ATAAGATTAT 740

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 403:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 630 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 403:

30 ATGCCAATAA TTAAACCATG TAATAAATAT ACGTATAGCG TACGACTACC AATATAAGTA 60  
 TATAATTTTT TCTTTGTTGA CATTAAATTT AGAAACGCAG TCATTGCGAT TAATATAATT 120  
 35 CCATATAATA TAAGTCGTTT AAAAGGACTG AATATACTCT GTCCTTCATT TTCAAGTGAA 180  
 GTATATGGTG AACTTCCCAA TAACCAATCT GCATTGATAG GATGAATCAC GTAAACGATA 240  
 AAAACAAAA TAAAGGTAAT GATAGATACT GGTATTAGTT TTTTATTTTT AAAAATAGCC 300  
 40 GTATGTTTTT TGGTGAAAAT GTAACCTAGA TAAATATTG GGAAAAATAC GATTGTCCTT 360  
 GAAATGCTTA AGTAGCTATC GATGTTATCT GAAAAACCTG CTCCAATAGA TATAATAATT 420  
 GAACTGATA GCACTTTATA TGGATTAAAT CTTCTAACTA TTAATAAAAT GACATGAAAG 480  
 45 AAAAATAGCG TGATCAAAAA CCATAACGCA AATACTGGGT TAAAAGGATC AAGTTGTAAT 540  
 TCGTCACTTT TACCTGTAA GAAATAATAA ATTGAAAAGA ATGCAAAAAA TATCATATAA 600  
 GGTACTATCA AACGTTTGA AATTTTTTCT 630

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 404:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6254 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 404:

	ATTTAAACGT TCAGTTTCTA AAAGTGGAAAC AATCCAAGAA GTACGTAAAC GTGAATTTTA	60
10	CGAAAAACCA AGCGTAAAC GTAAAAAGAA ATCAGAAGCT GCACGTAAAC GTAAATTCAA	120
	ATAATTAATA CCTCTGTTGA CTCCCTCAAC ACGAATATTA ATTATATAAA ACAAACATCA	180
	CAAGTTAGTG TCTGACACTA ATATGTGATG TTTTTTTGTT GTCAATTTTT AATTAAAAAA	240
15	AGTTATATAG TTTATAAATA ATCAAATTGA TATTCTATAG GTTCTTATAA CTATAAAGTA	300
	TATTCAATTT CATGTATAAT TAATGTGAGG GCGAGGTGAA ATTGTGAGTT ATAATAATTT	360
	TTTACAAATG ACAACTATCT TGAATCAAC GGCTGGAGAT ACTTGGGTG AACAAAGTTAG	420
20	CAATATAATT GTTCAACCTA TTTTACGTT AATATTAACC TGTTTGACAT TCTTAGGATT	480
	TGTATATCAA CTTTACTCTA AAAAAATCAA TGCAGCTGGT ATTATCGCCA CATTATCATT	540
	ACTTATTTTA TTTTGGGAT TTCTAATCCA AGGAAATGTC AATATGCATT CTATCTTAAT	600
25	ATTCTCAATT GCGGTTATAT TAGTTGTAAT TGAATTATTT GTAGTTGGTG CAGTAATTGG	660
	TATTATTGGC ATGATACTGA TAACTATAAG CATAACAACG CTCGGTGATA ATTTGCTATT	720
30	TATGCTTGCG AATGTTATCG TTGCCTTGAT TTTAACGATT GTAGAATGGG TGATATTAGT	780
	GAAGATTTTC AACAGAAAGA TTCCGTTTTT GGATAAAGTT ATCTTAAAAG ATTCAACTAA	840
	TTCTGAGTCA GGTTACAATT CTCATGATAA CCGCTCGCAC CTCGTAGGAA AGACTGCTCA	900
35	AACAGTTACA GATCTTCGAC CTGCAGGGAT TATTTTTTGT GAAAATGAAC GTATTGATGC	960
	TGTTTCAGAT GGCAACTTTA TTTTGCSCAA TAAAACGGTA AAAATCCTTG AAGTTGAAGG	1020
	AACAAGAGTA GTTGTGAGGG AAGTAGATTA ATTTAAAGGA GCGATACCAT GTTTAGTTTA	1080
40	AGTTTTATCG TAATAGCAGT TATTATAGTA GTTGCATTAC TTATTTTATT CTCATTTGTA	1140
	CCCATTTGGT TATGGATTTT AGCGTTAGCA GCTGGCGTTC ATGTTGGTAT AGGTACATTG	1200
45	GTTGGTATGC GTTTACGTCG TGTATCTCCA AGAAAAGTTA TAGCGCCATT AATTAAAGCG	1260
	CACAAAGCAG GACTAGCATT AACAAACAAC CAATTAGAAT CGCATTATCT AGCAGGAGGA	1320
	AATGTTGACA GAGTTGTTGA CGCTAATATT GCTGCACAAC GTgCTGACAT TGATCTTCCT	1380
50	TTCGAACGTG CTGCTGCAAT TGaCCTTGCA GGACGTGACG TATTAGAAGC GGTTCAAATG	1440
	TCTGTTAATC CTAAAGTCAT TGAAACACCA TTTATCGCAG GTGTAGCAAT GaACGGTATT	1500
	GAAGTGAAAG CCAAAGCTCG TATCACAGTT AGAGCTAATA TTGCTCGACT TGTGCTGGT	1560

55

	AGTAAGCATC ATACAGAAGT ACTTGAAAAC CCAGATAATA TTTCTAAAAC AGTTTAAAGC	1680
	AAAGGTTTATG ATTCAGGTAC TGCATTGAA ATTTTATCAA TTGATATTGC TGACGTTGAT	1740
5	ATTAGTAAAA ATATTGGTGC AGACTTACaA ACTGAACAAG CATTAGCAGA CAAAAATATT	1800
	GCACAAGCAA AAGCTGAAGA ACGTAGAGCT ATGGCTGTAG CAACTGAGCA AGAAATGAAA	1860
10	GCGCGTGTAC AAGAAATGCA TGCTAAAGTA GTTGAAGCCG AATCTGAAGT ACCATTAGCT	1920
	ATGGCTGAAG CATTACGTTT AGGTAATATC AGTGTTAAAG ATTATTATAA TTTGAAAAAT	1980
	ATCGAAGCTG ATACAGGCAT GAGAAATGCA ATTAATAAAC GAACTGATCA AAGTGATGAT	2040
15	GAGTCACCTG AACATTAAAGT CGAGAGGTGA TTAAATGAGT GTCGGTATTC TAATTTTTGT	2100
	CATATCAGTG ATCATTTCTA TCATTACTAC TATGCGCGAA AATAGTCATA AAGATAGACA	2160
	AAATCAAAAG CCACCTCAAA AAACATCTAC CGATAATGAA CCAAAAAAAG GTGGCTTTTT	2220
20	TGAAGAAATT GAGCGAACGT TTAAAGAAAT AAGTGAAGAA TTAAATGAAG AAGAAAAGAA	2280
	ATCATCGAAA CGAAAATATG ATGATACGTT ACCACCTTTA TTCGATGAAC TTCCAAAGGA	2340
	AGAGCCTAAA TCGAAACCTG TTGTAGAACC TATGGCACCT AAAAAACAAC AAGAAACAAA	2400
25	ACCGATGACA GAGAAACCAA TCACAGTGCC TAAAGCAGAA CCGGTGGAGC AGAAACATAG	2460
	ACCTTCTAGA CAAGATAATT CTGACGAAAT TAGACGTCAA TTAGAAAAAT CACTTAGAGA	2520
	TGATATTAAA ACGATTGTA CTGACATTGA TAGAGAAAAA GAAAAGCAAA TTGCTAAAAAT	2580
30	GGAAAAACGT GCTAGAGATA TTATTGAGGA TAAATACTTA TCTGAACGTA CAAAACGTTT	2640
	GAAATTAAAG CAGCTGCTTA ATTCTCAAAA TGTCGAAAAA GATTTGACTA AATCAGCGTT	2700
35	CCAATTTGAT AAAGATGAAG TAATCAATGG TATGATATGG TCAGAAATTT TAGCTAAACC	2760
	AAAACAATTA TAAAATTTTT TGAAAACAAG CACTATCGTA ATGGTAGTTG CTGTGTTTTT	2820
	TACGTTAAGG AAAATTAAAA AACAAAGAGA ATTTTTTCGAG AAATATTAGT TATTTAAATT	2880
40	ACAGCAAAA ATTGATTAGT CTAAAATTGA ATCTGCTTTT ATGACAAGGT GAAAAGTATA	2940
	AATGATTATT TTAAATTAAA GAAAAATGAG TAAGTCAATG CAAAGATGTT TAAATCAATC	3000
	AATTGCATGA TATAATTAAG TAGATATTAA AGCATCATAG AATGAATATA AATGATATAT	3060
45	GAAAAGGAGC GCGTGTATGC CTGGAATTAT ACAAATAGAC GATATGAACC AATCTCAAGC	3120
	TTTAATTGGA AATAATGATG AACATTAAAA AGCAATTGAA GAGAGTTTCG ATGTTGTCAT	3180
	CCATGCAAGA GGACAAGaAG TTGCCGTTAA AGGTACAAAA ATAGAAAACG TAGAAAAAGC	3240
50	GGAATCAGTA TTAATCAATT TGCTGAAGGT TATTGATTTA GGTAATAATA TTACAATTAA	3300
	AGATGTTGAA GCAGCTATTA AAATGGCGCA TAATAACACA ATTCAACATC TGTTAGATTT	3360
55		

	GCAACGTATA TATGTTAATG CCATGAAAAA TAATGATTTA GTATTTGGTA TAGGTCCTGC	3480
	TGGTACAGGT AAGACATTCT TAGCTGTAGT TTATGCAGCA AAGCAACTCC GTAAAGGTGC	3540
5	TGTTAAACGT ATTGTATTAA CAAGACCTGC TGTGAAGCA GGAGAGTCAC TTGGATTTT	3600
	ACCAGGAGAT TTGAAAGAAA AGGTAGATCC ATATTTAAGA CCTTTATATG ATGGTCTATA	3660
10	TACTGTTCTT GGGCGTGAAC AAACAGAGCG ATTTATTGAA AGAGGCATTA TCGAAATAGC	3720
	GCCACTTGCA TATATGCGCG GACGAACATT AGAAGATGCA TTTGTAATTC TTGATGAGGC	3780
	GCAGAATACG ACACATGCGC AAATGAAAAAT GTTTTTAACA AGACTAGGTT TTGGCTCAAA	3840
15	AATGGTAGTT ACTGGTGACC AAACCTCAAAT CGATTTACCT AAAGGTGTTA AAAGTGGACT	3900
	TAAGGAAGCG GTCAGTAGGT TACACAACGT TAAAGGTATA AGTATATTGA AATTAGATCA	3960
	GAGCGATGTA GTCAGACATC CATTGGTAAG TAAGATCATT GAACATTATG AAGGAGAGAA	4020
20	TTAAATGTTT ACGATAGATT TTAGCGATCA CACAGGCTTA GTTAAAGATG CTTGGTATAA	4080
	ACAAATTGAA GATTTATTAG AATTTGCTAA AAAAGAAGAG CATATAGAAG ACGATGCTGA	4140
	GCTTTCTGTT ACATTTGTAG ATAAACAAGA AATACAAGAA ATTAATCGAA CATATAGAGA	4200
25	TAArGwTAAr GTTmCaGATG tAaTCyCaTT tGCTTTAGrA GrAGATGAGC CmGaGATkGA	4260
	TtTTAGTGGT CTTGATATAC CACGTGTTTT AGGGGATATA ATTATCTGtA CGGATGTAGC	4320
30	GCAAGrACAA GCAAACAATT ACGGACATTC TTTTGAACGA GAATTAGGAT TTTTAGCATT	4380
	ACATGGATTT TTGCATCTAT TAGGTTATGA TCATATGACT GAAGCGGATG AAAAGGAAAT	4440
	GTTTGGTCGA CAAGATACAA TATTAAACGC ATATGGATTA ACACGAGACT AATTATGAAA	4500
35	AGGTTTAAAT ATGCACTTGA TGGGCTGAAA ATCTTAATTC AAAAAGACTA TAAATTTCTT	4560
	TTACATGTGT TTGCAATGAT TGTGCTATT GTCTTTGGTC TCGTACTAAA TATTAATCGG	4620
	ATTGAGTGGT TATTTATACT CATTGCTATT GCATTAGTTC TCACTGTTGA AGCTTTAAAC	4680
40	ACTGCTATTG AATATGTTGT CGATTTAGTG ACCGTTGAAT ATCATGATTT AGCTAAATAC	4740
	GCTAAAGATA TTGCGGCTTT TAGTGTA CTT ATAGTTTCAA TATTAGCATT TATTATAGGT	4800
	TTAATAGTAT TTTTACCACA TTTTATAGCG TTATTTTAGG GAGGCATATA TGAGTTATCA	4860
45	ACCTCATTAT TTTCAAGAAG TTAGAAAAGC ACAACAAGAA TCATATTCGC CATAAGTCA	4920
	ATTTAAAGTA GGGGCTTATT TAAAAmCGAA AGACgGTAGA ACTTTTTATG GTACCAATGT	4980
50	AGAAAATGCT TCTTATCCAT TATCGATATG TGCTGAACGA GCTAGTTTGG TATCGGCAAT	5040
	TTCTCAAGGA TACAGACCAG GTGATTTTGA ATCAALAACT GTAACCGTAG ATGCAGATAA	5100
	ACCGTCATCA CCTGTGGTG CATGTCGTCA AGTTTTGAAG GAATTATGTG ATGATGATAT	5160

55

	ACCATTGGA TTTTCAGGAA AGGATTTAGA ATAAATGACA GAACATAAAT CAGGATTTGT	5280
	TTCAATTATA GGTAGACCAA ATGTAGGAAA GTCAACATTT GTTAATAGAG TGATCGGCCA	5340
5	TAAAATAGCA ATCATGTCCG ATAAAGCTCA AACAACTAGA AATAAAATTC AAGGTGTTAT	5400
	GACAAGAGAT GACGCGCAA TTATATTCAT TGATACGCCA GGTATTCATA AACCTAAACA	5460
	CAAATTAGGT GACTATATGA TGAAAGTCGC TAAAAATACA TTATCTGAGA TAGATGCAAT	5520
10	CATGTTTATG GTTAATGCCA ATGAGGAmAT TGGACGAGGC GATGAATATA TTATAGAAAT	5580
	GTTGAAAAAT GTTAAGACAC CAGTATTTTT AGTATTAAAT AAAATAGATT TAGTGCATCC	5640
15	AGATGAATTA ATGCCAAAGA TTGAAGAATA TCAAAGTTAT ATGGACTTTA CAGAGATTGT	5700
	ACCTATTTCA GCATTAGAAG GGCTAAATGT CGATCATTTT ATTGATGTTT TAAAGACGTA	5760
	TTTACCCGAA GnACCTAAAT ATTATCCAGA TGATCAAATT TCAGACCATC CTGAACAATT	5820
20	TGTAGTGGGT GAAATCATTG GTGAAAAAAT CCTTCATCTT ACAAGTGAAG AAATCCCTCA	5880
	TGCGATTGGT GTTAATGTGG ACCGTATGGT TAAAGAAAGC GAAGATCGTG TTCATATCGA	5940
	AGCAACTATA TATGTTGAAA GAsGTTGCA AAAAGGAATT GTCATTGGAA AAGGCGGTAA	6000
25	AAAGTTAAAA GAAGTAGGaa AAcGTGCGAG ACGTGAtATA GaAATGctTC TAGGCTCTAA	6060
	AGTTTACTTA GAATTATGGG TCAAAGTTCA AAGAGACTGG CGAAACAAAG TTAACTTTAT	6120
	TCGCCAAATT GGTATGTTG AAGACCAAGA TTAATCTTAA AAGTGGTGAA GATAATTGTT	6180
30	AATGCGCCAA AAAGGGATTA TCATCAAAGC AGTTGATTAT GGTGAATCTG ATAAAATTAT	6240
	CACGATTTTA AATG	6254

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3710 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 405:

45	GTTGTTCTAA ATGTTTCTTG nATGAAACGA GTCAATGTAA ACTGATATTG CTGTATTGT	60
	TGCAGCAATT CATATTGGTC TGGTGTGCA ATAACAGCAG CTTGAGTTGG AGTCGCAGCT	120
	CTGATGTCTG CAGCAAAATC ACTTAATGTA AAGTCTGTTT CATGACCAAC TGCTGATATA	180
50	ATCGGTGTCT TACAATTATA TATTGCACGG ACGACAGCTT CTTCGTTGAA ATTCCATAAA	240
	TCTTCTATGG ATCCACCGCC TCGACCTACA ATAATGGTAT CTACACCTAA ACTATCTGCA	300



EP 0 786 519 A2

	TGTATTTGTT CAGCTAATGG AAAACGACTA TTTATCGTTG AATGGATATC TCGAATTGCG	420
	GCACCTGTAC TCGCTGTTAA AACTGCAATT TTTTtagGAA ACTTAGGTAT TGATTTCTTA	480
5	TTCGCTTTAT CAAAACAACC TTCTTCAGTT AATTTTTTCT TTAATGCTTC TAATTTTTGA	540
	TATAAGTTCC CTATACCATC TAATTGCATT TTATTTACAT AAATTTGATA GTTTCACGA	600
10	CGTTCAAAAA CAGAAACACG TGCTTCTAAT AAGACTTCAT CTCCTTCTTT AGGTTCGAAG	660
	TTTAATTTAG AAGCACTACC TTTGAACATC ATGGCACTTA TAACGCTTTC TTTATCTTTC	720
	ACATTAAAGT ATAAATGaCC ACTTGaATGc TTTTtGAAAT TTGAAAGCTC ACCTTTAATC	780
15	AATACAGATT GGAGATGTGG ATCTTGATCA AATTTATATT TAATATATTT CGTTAAAGCT	840
	GAAACACTTA AATAATCTGA CATATAACAT CACTCAATTT TATTTTTTTA TATTACTCAA	900
	TACACCATTT ATAAATTTAT AATGATCATC ATCACTGAAT TGTTTTGTTA ATTCAACTGC	960
20	TTCATTCAAT ACGACTTTAG CAGGTGTATC ACTGTGTAAT ATTTCAATAG TGCCATTCT	1020
	TAAATAAATA CGATCCGTTT TTAATAAACG TGCAATAGTC CAATCTTTTA AATAAGGACT	1080
	AATTGTCTCG TCTAATACAG GTTCGTGATC TTTAACGCCA GAAACTAGCC AATGAATAAA	1140
25	TTCGAAGTCT AAATCTGGAT TATCGTCTTT AATAAAGCTT ATCGCTTCAT TTATCGTTAA	1200
	ATCACTGTCC TTCATTTCTA ATTGAAATAA AGTTTGAAAA GCTTGCACTC GGGATTCTTT	1260
30	ACGACTCATT TTTAACTCCT TCAAACGTTT GTATTTTTCT TTATTTAATT ACTGAATTAG	1320
	GTATGACATT ACTTTTCAAT AACGATTTGT GTAATGTGAA TATTAATTTG CTTAGGTCT	1380
	ATCGCTGTCA TATTAGAAAT TGAATTAAAA ATTGACGTTT GAATTTTGTT TGCAGTTTTT	1440
35	GAAATATTAA CACCATGTTT TAATGCACAA TATACATCTA TATATATGCC ATCTTCTTTA	1500
	CTCTCGATTT TTAAATCAGG GCTTAAATTT TTACGACTAA CTTTTTCTAA ATTTGTTTCT	1560
	TTTAATTCAG CAAAATGGCC AGTGATGCCT TCGACTTCCG AAGTAGCTAT ACTTGCAATA	1620
40	ACAGATAGCA CTTCTGGCGC TATTTCTACT TTACCTAATT TTGAATTTGA ATAATCAGTT	1680
	ACTTTGACCA TGGATTGACC TCCTATTAAC CTTCAATCATT CATAATGCTA TTTTGCTCTA	1740
45	AAAAGTTTGT ATTAAATTTA CCGCTTCTAA ATATATCGTT ATTCAATAAT TTAATATGGA	1800
	ATGGAATAGT TGTATCAATA CCAAGAACCA CAAATTCACT TAGTGACGA ATGCCAGCCA	1860
	TAATCGCTTC ATCTCGTGTC GGTTCATGTA TGATTAATTT CGCTACCATC GAATCATAAT	1920
50	ATGGCGGTAT CGTATAATTa GTATAACATG CTGACTCTAT TCGAACACCA TATCCACCTG	1980
	GTGCAAGATA TTGCTCmATT TTACCTGGTG ATGGCATAAA GTTCTTGTA GGATTTTCAG	2040
55	CATTAATTCT AAATTCaATT GCGTGTcCTG TTAATTTAAT ATCTTCTTGT TTATACGGTA	2100

CAGTTACAGG ATGTTCTACT TGAATACGTG TATTCATTTC CATAAAATAA AATTTATTAT 2220  
 CATTTAAATC ATATATAAAC TCAATTGTTC CCGCATT TTC ATAAATTACA GCTTTCGCTG 2280  
 5 CACGAAGTGC GGCATTTCCC ATTCACGAC GTGTTTCATC ATCTAAAATT GGGGAAGGTG 2340  
 CTTCTTCCAC TAATTTCTGC ATACGTCTTT GAATTGTACA ATCACGTTCT CCTAAATGAA 2400  
 TTACATTACC ATAGCTGTCC CCAACAATTT GGATTTCAAT ATGGCGGAAG TTTTCGATGA 2460  
 10 ATTTCTCCAT ATAAAGTCCA CCATTACCAA ATGCAGTTTG AGCTTCTTGT TCTGTCATTTC 2520  
 GGAAGCCAGT TTCAAGTTCT TTTTCATCAC GAGCAACACG GATACCTTTT CCGCCACCGC 2580  
 15 CAGCAGTAGC TTTAATGATG ACCGGATAGC CAATTTTTTTT GCGGATTTTC TTAGCTTCTG 2640  
 AGACGTCTTT CATTAAACCG TCACTACCAG GAACAACCTGG AACATTGGCT TTGATCATTTC 2700  
 CTGCCTTAGC AACATCTTTG ATACCCATTT TTTGGATAGA TTGATAACTT GGTCCAATGA 2760  
 20 ACTTCAATTG GcATgctTCG CATAATTCTG CAAAATCAGC ATTTTCAGCT AAAAAGCCAT 2820  
 AACCCGGATG AACGCCATCA CAACCTGTAG AAGTTGCAAT AGATAAGATG TTCGGAATAT 2880  
 TTAAATATGA ATCTTTAGAC AAAGTGGGAC CTACGCAATA TGCTTCATCA GCAATTTGAG 2940  
 25 TATGTAGCGC ATCTTTATCC CCTTCAGAAT AGATTGCAAC AGTTTGGATG CCTAAATCAC 3000  
 GACAAGCGCG AATAATCCTA ACTGCGATTT CACCGCGGTT TGCAATTAAA ACCTTTTTTCA 3060  
 TTATTTTACC TTAAATAACG GTTGGCCATA CTCTACCATT TGTCCGTCTT CTACTAAGAT 3120  
 30 TTCAACAATT TCACCTGAAA TTTCTGCTTG AATTTCAATTA AATAGTTTCA TTGCCTCTAA 3180  
 AATACACACT GTTGTTCAT TGAAACAGT GTCCCCAACT TGCACATATG CTTCTTCGTC 3240  
 35 TGGAGATGGC GATTGTGAAA ATGTACCTAC CATAGGTGCA TTAATTGTTT TGTGATTATC 3300  
 TGAAGTTGGC TTTGGAGCTT CAGTTTATT GCTATCAGTT GATTGTGCTT GAGGCATAGG 3360  
 CATTGCCGCA GCTTCAACTG GCATTTGTGA GATTTGTGGC GTGATAATCT CAGTTTCTTT 3420  
 40 TTCTTTCTTA AGCGTCACCT TGCCTTTAGT ATCTTCAATA TTGATTTCCG TTAAAGTTGA 3480  
 TTTATCCAGA ATTTCAATTA ATTCTTTGAT TTCTTTAAAG TTCATTATTA CTGACTCCTT 3540  
 45 CAGTTTGTTT TCATCTACCC GTCTATTTTA CTTGAGACAA CTCTTCAATT CAAGCATGTT 3600  
 CATATTGCTG GCGACATTAT AAGTCTATCC CAAAGTTATA ATAAAACCAC ATTTTAAATT 3660  
 AAAAACACTT GTGTATTTAT TACTTAACAT TGACTCATCT TAACTCTTGA 3710

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 406:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1705 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 406:

5	GCTGATGTTTC GTTGCCCTTn TCCACCAGAC AATTCAGAGG GATATTTATC ACTAATATCC	60
	AATATATTTA ATGCTTCTGC TACTTTTTCA TAACGATTTA ACATATGTTT TTTATCTAAC	120
	TTCTGTACCG TTAGTGGTAA CATTATGTTT TCTTTAACAG TCAATGTATG CAGTAAATTA	180
10	TACTCTTGAA AAATAAAACC AATATCATGC TTGCGTATAT CAGATWATTC CTTGTTTGAA	240
	AGCTTTTCTA ATTTTTTTCC TTITAATGTA ATAGAACCCT GTGAAATATA ATCAATTGAA	300
	CTTAAACAT TTAATAATGT CGTTTTCCCA GATCCAGAGG GACCCATAAT AGCAATAAAC	360
15	TGCGCTTCTT CAATAGACAT ATTGATATCT CGCAACACTT CTTGTGCCAT TTTTTAGTT	420
	CCATATATTT TTGTTAATTG TTTTACTTCT AAAATTGCCA CTTTAACACT CCTATAATTT	480
	ATCTTAACTT CATTTCTTTT AGGCTTTGGC ACTTGTATCT TCAATTTAAC ATATGACTAA	540
20	CATCTATCTT ATTATAACGT TGAAGCTGCA TTGATGTATC AATTCTAAGT AACAAAACGC	600
	ATGTTTAAAA TGACAAATTT GTCACCTCCG ACATGCGTTC AACAAATTTCA TTTTGTAATG	660
25	GGAAAATCAA TCTGACAGTT GTCCCCTTAC CAACAGTCGA CGTGACTTGC AGGTGAATAC	720
	CTAATTGATC CTTTACACTA TTTACTAAAT ATAGACCCAT ACCTGAAGAC GTCGTTTCAT	780
	TTCTGTTAGC CGTTGACGTA AATCCTCGTT CAAATATTCG CGGCATATCT TTTTACTAA	840
30	TACCTCTGCC ATAGTCTTTA ATATATAACG AAACATGTTG ATCATTTAAT TCTGTCCCAA	900
	TTTCAATATT AAAATTCTCA CTATATTTCA ATGCGTTTGA CAAAATTTGT CTAATAATCA	960
	TACGACACCA TTTTATATCT GTATAAACAT AATCATCCAC TTTAAAGTCA ACATCAAAAC	1020
35	CAATACCTTT AACCTGACTA ATATGTCTTG TTAATTGTAT TTCATCAATG ACCATGCGTT	1080
	TAAGTGACAC GTAATCAAAA TACATATCTT TACGTTGAGA TTCTAATCTA GTAATATACA	1140
40	GCTGTGTATC TAGCATCGAG TTTATACGAG ACCATTGATA TAGTAATGCT TGTWTTCTTT	1200
	CTTGATTTTT TTCTTGATCA ATTAATAATT TCATAGCTGT CACAGGEGTT TTTATGTCGT	1260
	GCACAAATTC TGTAATGGTT TGTTGATGCA TGTTCATTG CAACTGTTGC TCAACAACCT	1320
45	TTTCTTTGTG CGCTGAGATT TGACGATATA AATAATCAAC TGTATGACGT TGAAATGGCG	1380
	TTTCCGCTAA ATCTTTATGT TTAATTTCTT CTATTTCTTT ATCTTTGTCA AAATGCTTAT	1440
	ATAATTTTAC TTCTTTAAAA TATGTCAATA AAAGAAAAAT CATTGTTAAA CTTAAATTCA	1500
50	AAGAAACAAT ATAAAATAAA CTGTCTATTG GAAAATCATA ATCGATTAGA CTATGTCCTA	1560
	ACATAAGGAA GTTTAAAAAC AATATCCAAA ATATCCAGTT CATGCGAGAT TTCAAAAAAT	1620

55

GCACTATCCA TACTAATTTTC AGATA

1705

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 407:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1722 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 407:

15	TCAATATATC TTAAATTCA ATGATTAAAT CnATTATCAC TAGACATnAA ATACATAAAT	60
	CCTATTCCCC ATTTTCATTT nTTAATTCAT AAATGAATCA ATAACCACCT AATAACAAAT	120
	CATATTATAC ACCTTTGTTC TCTATTTTTC TAAGGTTTAA AAAATATTTT TAGGTAAACC	180
20	TAAAAATAGA TGTAATAAAA ACGCCTCCTC AGATATTTAT ATATCTATGA AGACGTTTAA	240
	ATACATTATA GATGGTCTGG TTCTGGGTGA ACGTATACTG AGGAAAtACC TTTTGTGTC	300
	AAATGATGTT CGACATTGTC ACAAATTTGA TGCGCTTCTA CTAAGGAAAG GTTAGCATCT	360
25	ACAACAATTG TGACATCAAT AAACACACTA CTTCCATGGT AACGCCCTTT AATACTTTTA	420
	ACTTCTTGTA CTTCAACAAC TTCTAAAATA TCATTGCGAT ACGCTTCTAA TTCAGTTTCA	480
	TTGAAACCAT CACTCAACAT AAAAATTGCT TCTTTAAAAA TACCAAAACC AGTATAAACG	540
30	ATTAGTAAGC CTAGTAATGT TGCTAAAATA ATATCGACAA TTGGGAAACC GATTTGCGTA	600
	AAAATTAATC CTATCGCTGT TCCAATGCTG ACTAACTAT CCGATAAATT ATCTTTGGCA	660
35	GCCGAATTTA AAGAACTACT TTTCGTTCTT TTCGCTAGTC TTTGATTGAC TGCAAATACA	720
	ATCAACATTA CAAGACCACT GATTAAGCTG ACGATAATTG TTATTGCGTT AGGTACAACG	780
	TCATCTTCTT TGAACAAACG AGGTGCATTT TGAATAACTA CTTGGATACC TACAAACATA	840
40	ATGACAAATG ACACCAATAA TGAAGAAATA TTTTCAGACT TCAAATGGCC ATAAGGATGA	900
	TTTCGATCGG CAGGTTTAAT TGAAATTTTC AATCCAATAA TAACAGCTAA AGAAACGATA	960
	ATATCTGTCA TATTGTTTAA TGCATCGGCT CTTACAGCTG CAGAGTTAAA GACAAAACCC	1020
45	GTGACATACT TAACAATAGA TAAGATTATA TATACAATTA AACTCAAATA AGCACCGCGT	1080
	TGCGCCAATT TAAGATTTTC ATTATGAGAC ATGCGTTGAA CCACCTTGAA TTAGTATAGT	1140
	AACAATATTA TGAATGATTC ATTTTAATTT TACAACGTTT TTAATTTTTTA TAAATTTTTA	1200
50	TAAAATTAAA CTAATTTATT CATTGCAAC CCCTAAAAAT AATTTTTAGC CTTTCTGCGA	1260
	ATTTTATGAG CTAGAAAGGC GCCCAACTCT CCCTGTTTGT TAACTTTCGC CTCGAAAGTT	1320

EP 0 786 519 A2

CGAAwTTAT GAGCTAGAAA GGCTTATGCA GTTGACGTTT TACGTCCAAC TCGTTTCCTC 1440  
 CGTCTTCTTC AAATTTATTT GTnAGAAAGG CACCCAACTC TCCCTGTTTG TTAACTTTCG 1500  
 5 CCTCGAAAGT TTCTATGTTA GAACCCATATG CATGAGTTGC GAAnTATCTA ATGTCGTGAA 1560  
 CTAATTATAT AGAAGAAAAA GTGCATCAAT GACAAATTAA ATGAGATTTT TACTCTACCA 1620  
 AACTCTCTTC GAAAGACAAT TTTCTCCTCT ATTTATTAGC AACTATTGCA TTTCTCCATA 1680  
 10 TAGTACTTCC TTACTTAAAA TACGCTGAAT GTCTGAATTA AA 1722

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 408:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 15 (A) LENGTH: 5521 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 408:

GCGAGACCCC CTGAGGGAGC AGTGCCCACT CGAAGACCCG AGGCTGAGAC GGCACCCTAG 60  
 25 GAAAGCGAcC ATTyCAATAC GAaTTgTGat AAATAGAGAA CAGCAGTAAG ATATTTTCTA 120  
 ATTGAAAATT ATCTTACTGC TGTTTTTTTTA GGGATTTATG TCCCAGCCTG TTTTTTGTGA 180  
 TTTTAAATAA TTTGAATATG GAAAATGTAT TATTCTCTCA TTTGTATAGA TTGTATTTAA 240  
 30 TAAGTTAATG TAATCCTTGA GCTCACGATT AATAAAATTC TATAACCTTA ATTATTTTCT 300  
 CGATACAAAG GGTATTAAAC TTAAATATAA GTATAATGAT GTGCCTCATC TTCAAGACGC 360  
 ATTGTTGTAA CACACTTATA ATCTATAAAT GGCGCGAACA TGGTATCTTT AATTTCaTTT 420  
 35 ATGCGATTCT CATTTACTTG ATTAGATTTG TGTGTCGAAA GTACAAGTTG ATCaAAAAATG 480  
 TTATCTAGTA CATCACGAAC GATATACCAC ATATGTCTTT CTAAGTTTGA ATCATTTGAT 540  
 40 GCTTTAGAGA TTGTAAGAAT TAATTCGCCT AAATGGTTTT GAACGGTAGA ATAAAAGGCT 600  
 TTGTTAAACA CAGACGTTTT TGAATCAGTA AGAATTCTTG ATTTTTCATG GAAATGAGAT 660  
 GTACTGTATA CCATTTCAAT TAGTTGTGCT TTATCAATTC TTAAACCTTC AAAGTCTCTA 720  
 45 ATATACATCG TGTCCAATAG ACCATCTTTC CGAAATGTTG CAATAGCATT TTGCAAGTGA 780  
 GCCTCTAATG CAATGCCATA TTTAGTAACT AGTGGGATTA CGAGACCAAG CAATGCTTTA 840  
 CTATAAGTTT CAACCCACGA TTTGCCCGAT GATTCAAAAT CAGACAATGA TGCAGCTGAT 900  
 50 TGATAACGTT TAATCAATGT CACGATAGGT GATTCATTGT TAAATGGGTA GGTGCAACT 960  
 AAGCTTGAAG GAATCAATGG TGTGACTTCT TGTGGAATCA TTTGGTATAT ATTTTTTCTA 1020

55

	AAAAATGAAT ACCAGCAACT TCATCAATAA TTGTTGATGC ATAGGACTTA AATATGACAT	1140
	CTTTCTCCAA AATATCATTT AAAATACGTG TCATTAGTGG ACCATTGTGC GTCGTTTGT	1200
5	CTGATAATGT ACGAATCTCA CCTGTAATAT GAACGTTTGT CGACAATTG ATGTGTGGCG	1260
	ACATAGCTGG GTATTTAGGA ACTAATGTTC TGAAAGATAA ACCAGCATAA TAATCCaACG	1320
	TATGTTTTGC TTCAATGATT AATTCTTTAT CTACTTCTGC TTGATAATCA GAATGTAATA	1380
10	CGTCATCTAA TTGCCATGGA TGAACAATCA TAATGTGATA ATCATTAAAG TTAAACTTTG	1440
	GCGTAAATTC ATTTTCTAAT TGTTTAATTA AGTCCGGAAG TAGTTGATGA ACAGTTGTAT	1500
15	CATAATCTTT AGACAGTGAC ATAGTACGGC TTAATTTACT GTGAATCAGT ACTATTTTCA	1560
	ACTTAATAGG TTGATTGAAT TCTGAAGAAT ATAGGAATGT TTGTAATGCA TTTAAACCTT	1620
	TACGTAATTT AGCCCCAGGA TGTAGCGGAT GACCTTCAAT AACGGCTTGC TCTGAACGCA	1680
20	AGTAACTATC TTCGCTATTT TCGATAATAT TAAATAAAGG TGCAGAATCA TGTTCATTG	1740
	ACAGTGCTTG ATAGCTAATT GCAAATGTCA TATTAGTtGC ACTGTTTATT AAATCTTGCT	1800
	GAAATTGATC ACTAGCAGCA TTTTTTAAAT CTGGTGCTTC AATTAAAATA CACTCAAGAA	1860
25	TTTCATTTGG ATGGTGTACT CGTGTAATCG TATTTGTAAT GTCATCTTTA ATGTAGAAAG	1920
	GGCCTTCAAC ATCAATTCGA TCAAAGGCGT GTTCTCCAGT GATAGGAGCA TATAATGTTT	1980
	GCTTAGCTTG TGGAAGTGG ATTTCTAGTA TATGAGTCGT TGAGATATCT AACATAATCA	2040
30	AATCACGACT CAATATTTTC TTACTTTGAG TGC GCGCTTT AACTAAGTTT TCGCGATGCA	2100
	TTGATGTGAC CAATCTCTGA GTGACTTTAT CTCTTCCTTG TAAAATCATC TCTTTAAAAA	2160
35	TATTAGCCCA ATCGCTATTA TGTGTGTGTA AAAATAAATA TGTTTCTTGT TCTTCTTGT	2220
	TAAATTTTAA TGTCTGTTCT TTAAAAATTA AGTTCAAGTT CATAATTCAC CTCTATGAAA	2280
	TATTTTACAA AAGCAAGATA GATTGTGATA ATCCATATTA ATGATAATGA yTCTTATTAT	2340
40	CAACAGAATG CGGGTGTAAG TTTTATGACA AAATATTTTT TTAGCAGTTC TTTTCTACTA	2400
	TTTCTAGGTA ATTGGATTGG ACAAATAGGG CTAAATTGGT TTGTACTTAC CACTTATCAT	2460
	AACGCAGTTT ATCTGGGGAT TGTCAATTTT TGCAGACTTG TACCAATATT ATTACTAAGT	2520
45	GTGTGGGCAG GGGCAATTGC CGATAAATAT GATAAAGGGC GATTGCTGAG AATTACAATT	2580
	TCATCATCAT TTTTAGTAAC TGCAATTTTA TGTGTGCTCA CGTATAGTTc ACTGCAATTC	2640
	CAATTAGCGT CATTATTATA TATGCGACAT TAAGAGGGAT TTTAAGTGCG GTTGAAACAC	2700
50	CTTTAAGACA AGCAATCTTA CCAGATTTAT CAGATAAAAT ATCTACTACA CAAGCTGTmw	2760
	CATTTCAATC ATTCAATCATT AATATTTGTC GTTCAATAGG GCCTGCCATT GCTGGTGTCA	2820

55

EP 0 786 519 A2

	CAGTTTTATT	ATGCTTACCA	TTACATTTTA	AAGTAACTAA	AATACCTGAA	GaTGCATCAA	2940
	GaTACATGCC	GTTAAAAGTT	ATTATAGATT	ACTTCAAATT	ACATATGGAA	GGTCGACAAA	3000
5	TATTTATAAC	ATCATTATTG	ATTATGGCGA	CAGGTTTTTC	ATATACGACA	CTTTTACCAG	3060
	TTTTGACAAA	CAAAGTATTT	CCGGGGAAAT	CTGAAATATT	TGGTATCGCT	ATGACGATGT	3120
	GTGCCATTGG	TGGTATTATT	GCAACGCTAG	TTTTACCTAA	AGTACTTAAA	TATATTGGTA	3180
10	TGGTAAATAT	GTATTATTTA	AGTTCATTTT	TATTTGGCAT	TGCTTTGTTA	GGTGTGGTAT	3240
	TTCAACAATAT	TGTCATCATG	TTCAATTTGTA	TTACATTGAT	TGGGTTATTT	AGTCAATGGG	3300
15	CACGTACGAC	AAATCGCGTT	TATTTTCAAA	ATAATGTTAA	AGATTATGAA	CGTGGTAAAG	3360
	TACTGAGTAT	TaTTATGATG	GgATAGAGGT	ATGaTTCCAT	kGGGAAGTCn	ATTAATGAGT	3420
	ATATGTGCAG	ATGTGTTTGG	CATTGTTAGA	ACTTTTTCAA	TAATGGGAAT	AAGTACTATA	3480
20	TGCATTACAA	TGGTATTCTA	TTTTATAAAT	AGAAAGTTGA	AGTTAAAGTT	GGAGGAAAGT	3540
	AATCATGGTA	TATCTTGAAT	GGGCAAAGGC	AGATAGAAAT	ATTCAATATC	GTGTAATTAA	3600
	CGCCATTATT	AAAGAACGTA	TTTACCCCGA	GCAAACATTT	ATTTCCGAAA	AAGGATCTTT	3660
25	AATTGAAATT	CAGTATCATA	TGCATGTGTT	GACTATTGAA	GTTGTTAGAA	AAAGTGCATT	3720
	AGAACGCTAT	GAGTTTACAG	GTGATATTAC	TTATTTAAAT	AAAGGTGAAA	CGTCATTAAT	3780
	TATAACTTTA	GAAGGTTTAT	TAGATGTGTT	GAATCATGAC	TTTGATATCC	CTATTTTCAGA	3840
30	GCGACTACGC	GAAGAGTTAA	TACACAGTCG	AGATAGTTTA	GTTGAAACAT	ATAAGCAAAT	3900
	GTCTCACAGA	CAAACGTTAA	TAAGTCmaAG	TTTTAAATTT	TCAAGGTTAC	CACAAGATAT	3960
35	TAACTTTTTT	TCakGGTtAC	AACATGTAAA	AGATAGTGAT	AAGACAGATG	ATTTAACTTA	4020
	TTCTGAGAGT	TTGGTACCAG	AGGGGCATCC	AACACACCCCT	TTAACCAAAA	CGAAATTGCC	4080
	CTTAACTATG	GAAGAAGTAC	GAGCATATGC	ACCTGAGTTT	GAAAAAGAAA	TCCCTTTGCA	4140
40	AATTATGATG	ATTGAAAAAG	ACCATGTTGT	GTGCACAGCT	ATGGATGGTA	ATGATCAATT	4200
	TATTATTGAT	GAAATAATTC	CCGAATACTA	CAATCAGATT	CGTGTGTTTT	TAAAGAGTTT	4260
	AGGTTTGAAA	AGTGAAGACT	ATAGAGCGAT	TTTAGTACAT	CCTTGGCAAT	ATGATCATAC	4320
45	GATAGGGAAA	TATTTTGAAG	CATGGnTTGC	TAAAAAATA	TTAATTCCAA	CGCCGTTTAC	4380
	AATACTTcCA	AAAGCaACTT	aTCatTTaGG	ACGATGTCTT	TAATTGATAA	AccATACCAT	4440
50	GTTAAGTTGC	CCgTCGATGC	aCAAGCAACA	AGTGCCGTTA	GAACAGTCTC	AACTGTGACT	4500
	ACTGTAGATG	GACCAAAGTT	AAGTTATGCT	TTACAAAACA	TGTTGAATCa	ATATCCaGGA	4560
	TTTAAAGTTG	CTATGGAACC	GTTCCGGTGAA	TATGCAAATG	TTGATAAAGA	TAGGGCACGT	4620

55

	AGTGCAAGTC TAGTTAATAA AAATCCAATA GATCAAAAAG TTATCGTGGA TAGTTACTTA	4740
	GAGTGGTTAA ATCAAGGAAT TACTAAAGAA AGTATTACGA CATTATTGA ACGATACGCT	4800
5	CAAGCATTAA TCCCGCCTTT AATGCTTTT ATTCAAAATT ATGGAATTGC TTTAGAAGCA	4860
	CACATGCAAA ATACAGTAGT GAACTTGGGG CCACATTTTG ACATTCAATT TTTAGTGAGA	4920
	GATTTAGGTG GTTCTAGAAT TGATTTAGAA ACATTACAAC ATCGTGTATC AGATATTAA	4980
10	ATTACAAATG ATAGTTTAAT AGCTGATTCT ATAGATGCAG TGATTGCAAA ATTCCAACAT	5040
	GCTGTTATTC AAAATCAAAT GGCAGAATTA ATCCATCATT TTAATCAGTA TGATTGTGTT	5100
15	GAAGAAACCG AATTATTTAA CATAGTACAG CAAGTAGTAG CGCATGCCAT TAACCCAACA	5160
	CTACCACATG CAAATGAGTT AAAAGATATT TTGTTTGGAC CAACAATTAC TGTCAAAGCG	5220
	TTGTTAAATA TGAGAATGGA AAATAAGTA AAGCAATATT TAAATATTGA GTTAGATAAT	5280
20	CCGATAAAAA AAGAGGTGTA GTACTACATG GCACACGTTA ACATAAATAT ATCGAAGATT	5340
	AAATATAACG CCAAAGTACT TCAAACAGTT TTTCAAAGTA AAAATATGCA ATTCACACCA	5400
	GTAATTAAGT GCATAGCTGG TGACCGTACA ATTGTAGAAA GCTTAAAAGC GTTAGGTATC	5460
25	AATCATGTTG CAGAATCCAG ATTGGATAAC ATAATTAGTA TTGCAGATAC AGGATTTAAC	5520
	A	5521

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 409:

30	(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1261 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
35	(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 409:

40	AGGTCGTCTr GCaGmAGmGm TATTTGACGA TCTTGCTTTC CCAAAACACG ATGATGATTT	60
	TAACATACTG TCTGATTATA TTGAGACACA TGGTGATTTC aCATTGCCAA TGTCTGTATT	120
	TGATGATTTA TATGAAGAAT ATACGGAATG GCTAAAATTT TAATATAATT TTTAATAATA	180
45	ATAGTTAGAA CCAGGGTGAT GCAATTCGTT ATCCTGGTTT TAATTTAAAA TAACTAAGT	240
	TGTGACTAAA AATTAATCAA TTATAGTGAA ATATGGTGCG CTATCTTGCA TAAATTGATA	300
	TGATTAACTA CACAGAATTT AAAAGTACAT AATACATAAT AAGGAAGTGA TACAATGGAT	360
50	GATAAGCAAC ACACATCTTC ATCCGATGAT GAACGCGCTG AAATTGCAAC AAGCAATCAA	420
	GACCAAGAAA CTAATTCATC GAAACGCGTT CACTTAAAC GTTGGCAATT CATATCAATA	480

55



CAAAAAATAA GTGGTTTAAA CAAACTGAT CAAGCAAAC TAAATAAAAT TGAAAATGTG 600  
 TATAAATCT TAAATAGTGA TTATTACAAA AACACGAGCT CTGACAAGTT AAGTAAAGCT 660  
 5 GCAATTGATG GCATGGTCAA AGAATTAAAA GATCCTTATT CTGAATATTT AACAAAAGAA 720  
 CAAACGAAAT CCTTTAATGA AGGTGTTTCA GGTGATTTTG TAGGTATTGG TGCAGAAATG 780  
 CAAAAGAAAA ATGATCAAAT TATGGTTACT AGTCCTATGA AGGGATCTCC AGCAGAACGT 840  
 10 GCTGGCATTG GTCCTAAAGA TGTCATTACT AAGTAAATG GAAAATCAAT TAAAGGTAAA 900  
 GCATTAGATG AAGTTGTCAA AGATGTTCGT GGTAAAGAAA AACTGAAGT CACTTTAACT 960  
 GTTCAACGAG GTAGTGAAGA AAAAGACGTT AAGATTAAAC GTGAAAAAAT TCATGTTAAA 1020  
 15 AGTGTTGAGT ATAAGAAAAA AGGTAAAGTT GGAGTTATTA CTATTAATAA ATTCCaGAAT 1080  
 GATACATCAG GTGAATTGAA AGATGCAGTT CTAAAAGCTC ACAAAGATGG TTTGAAAAAG 1140  
 20 ATTGTTTTAG ATTTAAGAAA TAATCCAGGT GGACTACTAG ATGAAGCTGT TAAAATGGCA 1200  
 AATATTTTTA TCGATAAAGG AAAAAGTGT GTTAACTAG AAAAAAGGTAA AGATACTGAA 1260  
 G 1261

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 410:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2488 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 410:

35 AAATATATTG AAnAGAnAAT TACTAAGATT AAATChTCTT AAAATATCCC TGAAATAACG 60  
 TCCTAAAGAT TAAAGGAAAG AGGTTATAAG TTATGCCAAA ATTAATTTTA TGTCGTCATG 120  
 40 GACAAAGCGA GTGGAATGCT AAAAAGTTAT TTACTGGATG GGAAGATGTT AATTATCTG 180  
 AACAGGTAT TAATGAAGCG ACTAGAGCAG GTGAAAAAGT AAGAGAAAAT AACATTGCCA 240  
 TCGATGTAGC TTTTACATCG TTATTAACAC GTGCTTTAGA TACAACGCAT TATATTTTAA 300  
 45 CTGAATCTAA ACAACAATGG ATTCCTGTAT ATAAAAGCTG GCGTTTAAAT GAACGCCACT 360  
 ATGGTGGATT GCAAGGCTTA AATAAAGATG ATGCTAGAAA AGAATTTGGA GAAGAACAAG 420  
 TACATATTTG GCGTCGTTCT TATGATGTGA AACCACCTGC TGAAACCGAA GAACAACGTG 480  
 50 AAGCTTACTT AGCTGATCGT CGATATAATC ATTTAGATAA ACGTATGATG CCTTATCTG 540  
 AAAGTCTGAA AGATACTTTA GTTCGAGTGA TACCATTTTG GACAGATCAT ATTCACAAT 600

55

	TTAAATATCT TGAAGATGTG TCAGATGAAG ATATCATTAA TTATGAAATT AAAACAGGTG	720
	CACCGCTTGT TTATGAATTA ACGGATGATT TAGAAGTTAT AGATAAATAC TACTTATAAA	780
5	AaAAGAGCTG CATGTACACA AGGAGTGAGT GTATATGcAG CTCTTAAAtA TGTGAAGTAA	840
	TGTAAGGAAA TAGTTAAGTA TAGAGTTTAT ATTAACGAGC TAGGGATACT CGAAAATATA	900
	GTTAGACATA CAATATAGTC AAATTAaaAC AATTATTTcG CTCTTTTATG TTGCTTAATA	960
10	ATCTTTAAAG CACGCTTTCT TGTTTTAAATG TTAGGGCTAT TTAAATTACG ACGAGCAGTC	1020
	TGTAAATCTA ATTTcATCTC TATCCCTcCT TGTAaATATA TTATGACCGA TAACTACTCA	1080
15	TATGTAAATA GTAATGATTA CGTTTTAAAG AAATTGTAAT AAAGTCGTGC TAATTTTTTG	1140
	GAAAATGGGT ATAATTACCG GATATCTAAA AATGTGTGTC GTTTTTTAGA TGGTGAGGGG	1200
	GAAGCTTTAA ATGTCGAAGA AACAAAAATT AACGATGATT ATTACTATGC TGATGGGTGG	1260
20	ATTTTTTGGA TTATTAAATG AAACACTATT AGTGACGGCT TTACCAAGTA TTATGAAAGA	1320
	TTTTGAAATT TCATATACAC AAGTTCAATG GCTGACAACA GCTTTTTTAT TGACTAATGG	1380
	GATTGTTATT CCTTGTCCG CGCTTGTAT ACAACGTTAT ACAACAAGAC AAGTGTTTTT	1440
25	AGTGGGTATT TCTATCTTTT TCTTAGGTAC ATTACTCGGC GGCTTGAGTC CGCACTTTGC	1500
	AACATTATTA GTTGCTAGAA TTATTCAGGC GTTAGGCGCA GGTATTATGA TGCCATTGAT	1560
	GATGACAACG ATTTTGGAATG TTTTCCAACC ACATGAACGC GGTAAATATA TGGGGATATT	1620
30	TGGTTTGGA ATTGGTTTAG CACCAGCTAT TGGACCTACT CTTTCAGGTT ACCTTGTGTA	1680
	ATATTTTAAAC TGGAGATCGC TTTTCCATGT TGTCGCTCCA ATTGCAGCTG TGACATTTTT	1740
35	AATTGGAaTTT AAAAcGATAA AAAATGTTGG AACTACAATT AAAGTACCTA TTGATTTTAT	1800
	TTCTGTcATT TTTTCTGTAC TAGGTTTCGG cGGGTTATTG tATGGAACGA GTTCaATTTc	1860
	AGAAAAAGGT TTTGATAATC CTAcGLATTA GTATCTATGA TTGGAGGCGT TGTTTTAGTC	1920
40	GCATTATTTG TAwTACGTCA ATATCGGCTA TCAACACCAT TATTaAATTT TGCTGTATTT	1980
	AAAAATAAAC AATTTACAGT TGGTATCATT ATTATGGGTG TCaCAATGGT ATCGATGATT	2040
	GGTTCGGAaA CGATTTTACC TATCTTTGTG CAAAATTTAT TGCATCGTTC AGCTTTAGAT	2100
45	TCTGGATTAA CTTTATTACC AGGAGCAATT GTTATGGCAT TTATGTCGAT GACTTCGGGT	2160
	GCTTTATATG AAAAGTTTGG TCCTAGAAAT CTTGCTTTAG TAGGTATGGC GATTGTTGTT	2220
	ATTACTACGG CTTATTTTGT TGTAATGGAT GAACAAACAT CAACAATCAT GTTGGCAACA	2280
50	GTTTATGCGA TTCCGAATGGT TGGTATCGCG TTAGGATTAA TTCCAGTAAT GACCCATACG	2340
	ATGAATCAAT TAAAGCCAGA AATGAATGCA CATGGTTCAT CTATGACAAA CACAGTACAA	2400

55

AACTTTTCTC CAACTATGTC AGACTATA

2488

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 411:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1105 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 411:

15	TTTTACAATT TCAGATATCT CTAAACACA TACCGATCCA ATGGCCAAAA TTATTCGTCA	60
	AAAATTGAAA AACTAGGAA TTCGTAAAGG GATTCCAGTT GTATTTTCAG ATGAAAGTCC	120
	AATTGTCATA AGAGAAGATG TAAAGATAT AGTTGGAGAT AAAAATGCTA TCAATCGAAA	180
20	AGGACAAATG CCACCTTCTT CAAATGCCTT TGTGCCAAGT GTTGTGGAT TAATTTGTGC	240
	AAGTTATGTG GTGAATGACG TATTAAAAGA TATTCCAGTT CGTCGCATTA AAGACAAAGG	300
	GCAATAATTC ATTTTGAAAG GGATAATTTT CAACGTAAGG CAAGTGTAAC CACACCATAA	360
25	AACTAAAACT GACTAGTTCG CAAGCATAGT AGAATATGCC TCGTGACTA GTCAGTTTTG	420
	ATTTGATTAT AGCTAAAATA TCAAAGGTAA TCGATTAAAT CTTATTTTTA CGGCCTTTGT	480
	TTAAGTAAGT TGTATATAT TTCTTTGAGT TGTGTTCAC TTTTAGATGT CGTTTTTGGT	540
30	TCGTAATAAA TTTTGTITTT TAGTTTATCA GGTAAATATT GCTGTGAAAC ATAGCCATTA	600
	ACATATTGGT GTGGATATTT GTAACCAATA GATCGGCCTA GATCTTTAGC ACCTTGATAA	660
	TGTCCATCTT TTAAATGGTT TGGAATTTGG CCCACATGAC CGTTTCTAAT ATCGGACAAT	720
35	GCACTATCAA TGGCACTCAT TGCTGAATTT GACTTAGGTG ATAAGCATAG TTCGATTACT	780
	GCTTGGCTTA GTGGAATTCT AGCTTCTGGT AAACCTAGAC GTTCTGCTGA TTCAATAGCA	840
40	GCAAGTGTTT TCTGACCAGC ATTAGGTGAG GCTAAGCCTA TATCCTCATA GCTAATTACA	900
	AGTAATCGTC GAACTATTGT AGGTAAATCT CCAGCTTCAA TTAATCGTGC TAAATAATGT	960
	AAAGCGGCAT TGACGTCGCT ACCACGGATA GATTTTTGGA AAGCGCTCAT AACATCGTAA	1020
45	TGCATGTCAC CATCCTTGTC ACTTACAAAT GCACCTTTTT GTAAACAGTC TTTAGCATCT	1080
	TGCAATGTAA CATGTCGATA ACCGT	1105

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 412:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 579 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 412:

5 TAACGTCGAA CTTGAGCTGT TACGTTATGA CTCATAATTA TTTTAGCATA GTCATTTAAA 60  
TAAACTTCTG TTCTGTCTGT TGGATAAGCA AATTCAAGCA ATTGACTGTA ACTATCATT 120  
ATGACTTCTT GATCAACATG ACTATCAAAA TATACAGCAT AATAATAAGT ACCATCAACC 180  
10 ATATATAACA AATCTTCAAA CTCTGTAGTT ATTGGATTGC TATGATATGC ATAATTAATA 240  
ACATCTTCTA AATCGTTAAA TTTCACAATG ATTGTTCTTG TATTTTACG TGCTGAAGAC 300  
TTTTGACGTT TAGAACCTTG AGCTTCTTTT TCTTTTGTTT GTTGCTCGAA TAATCTTCT 360  
15 AATTGATCTT CACCTTCTAA TGTGAGCT AACAATTCTT GAACTTGTTT ATCAAATKGA 420  
TCAGTTGCAT CATCATCAGA CATATTCATC ATATCTTCAT TTTTAGATTT AGAAATTGTG 480  
ACTTCGACAC CTTTTTCAAA GGCATGTACT TGAATCCATA ATGGACCTnC TACAACAAAA 540  
20 TCTTCTACTT CGTTAATTTT ATCCATCATT GAnCAAAG 579

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 413:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
25 (A) LENGTH: 1342 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

30

## (x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 413:

GTGGTGAAAC TTCTTGCTTT GTAATTTTAT AAAGTGGATC AATATCACTC TGACTTACAT 60  
35 CAGGTGAAC TGTCACTTTT TTAGTTACTT TGTTCACAAG CGTAATATTT GCTAATTCTA 120  
GGTTTACAG AATAATGAAT GTCATCAGCT AmCCCTTTmm CtTGATACTy CTCTTGATAT 180  
TTCCAGCTT TAGCATTGTA TAAATCAATC ACTACTCTTA AATCTTCTGG ATTTTCAATT 240  
40 TTTATTATCT TTGATTGTGG TCCTGAAATA GTCACATTAA CTGTTTCAGG CGCTTTTGT 300  
AAATGCAAAT CTTTAGTGTT ATAAAGAATT TCAACGGGTA CATCTTGAAT CGTTTTACTA 360  
GACTTTTGAC CAAGATTACC AGTGTTAAAG ATATTTCCTA AAACATTGTT AACAGATAAA 420  
45 AAGAAAAACA ATGCCAAAAG AAAGGCAATA AATCTCAAGC CCCATTFACT TTCTAGCATA 480  
TTATTTCACA CCTTTCTTTT GAAAGCGTGT GCCAAACCAA TGTTTCAGCA GCAACTCTTC 540  
AAAAATTCG TTTGAAATGT CTCGTCGTAA TTTCCATCA AATGTTACCG AAATATCACC 600  
50 AGTTTCTTCA GATACAATAA CGGTAAATGC ATCAGATACT TCTGAAATAC CAACCGCAGC 660

55

TGCTGCTGCT GCAATCTTCG TGCCTTGAAT AATCATTGCA CCATCATGTA AAGGTGTGTT 780  
 AGGTATAAAG ACATTAATTA AAAGTTCTTG CGAAATATTT GAATCCATTG CAATACCTGT 840  
 5 TTCAATATAA TCTTGAAGAC CTGTTTCTTT TTCAAAGACA ATTAATGCAC CTATACGTCT 900  
 TTTAGCCATA TATTGCACAG CCTTTGAAAC CGATTGAATC AATTTCTCTT CATCTTTACT 960  
 ATACGTATTA GAAGTATAGC GTTTTAAAAA GCTACCTCTA CCAAGTTGTT CTAACGCACG 1020  
 10 TCTAATTTCT GGTGGAATA TTACTATTAA AGCTAATACC CCCCATTGAA TAACGATATC 1080  
 GAATAATTTA GATGTTGCAG TCAAGTTCAA TATCATACTT ATCTGCTGAC CAATAACAAT 1140  
 TACTAATATC CCTTTAAGTA ATTGTATCGC TTTAGTTCCC TTAAAGACCG TGATGAGAAG 1200  
 15 ATAAAGTACA TACCAAATA TCAGTAAATC AAGGATACTC GTTACAATTT TTAACGTACT 1260  
 GAGGTTTTGA AAAAAGTTGG AAAAATCCAT AACATCTCCT CCGGGTAATA TTTTTCATA 1320  
 20 ATACCCATTA TACCAATCAT TT 1342

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 414:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1073 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 414:

30 CTGTATAAAG ATGGAGGTGT TTTGCATGGT AAAACGTACT TATCAACCAA ATAAACGTAA 60  
 ACATAGTAAA GTTCATGGTT TCAGAAAACG CATGAGCACA AAAAATGGCC GTAAAGTTTT 120  
 35 AGCGCGCCGT CGTCGTAAAG GCCGTAAAGT TTTATCTGCA TAAGATCACT GACTCATCAG 180  
 TGATCTkTTT TTTCGTTTAA ATTAAGAATA AATAGAAATT TATGTTATAA GCTCAATAGA 240  
 AGTTTAAATA TAGCTTCAnA TAAAAACGAT AnATAAGCGA GTGATGTTAT TGGAAAAAGC 300  
 40 TTACCGAATT AAAAAGAATG CAGATTTTCA GAGAATATAT AAAAAGGTC ATTCTGTAGC 360  
 CAACAGACAA TTTGTTGTAT ACACTTGTA TAATAAGAA ATAGACCATT TTCGCTTAGG 420  
 TATTAGTGTT TCTAAAAAC TAGGTAATGC AGTGTTAAGA AACAAGATTA AnAGAGCAAT 480  
 45 ACGTGAAAT TTCAAAGTAC ATAAGTCGCA TATATTGGCC AAAGATATTA TTGTAATAGC 540  
 AAGACAGCCA GCTAAAGATA TGACGACTTT ACAAATACAG AATAGTCTTG AGCACGTACT 600  
 50 TAAATTGCC AAAGTTTTTA ATAAAnAGAT TAAGTAAGGn TAGGGTAGGG GAAGGAAAC 660  
 ATTAACCACT CAACACATCC CGAAGTCTTA CCTCAGACAA ACGTAAGACT GACCTTAGGG 720

55

TTTAGATACA ATTACGAGTA TTTCAACACC AATGGGTGAA GGGGCAATTG GAATTGTTTCG 840  
 ATTGTCTGGA CCGCAAGCCG TTGAAATTGC TGACAAATTA TATAAAGGAA AACATCTTTT 900  
 5 AAATGATGTT CCATCACATA CGATTAATTA CGGTCATATT ATTGATCCAG tCTAAAGAAG 960  
 TGGTTGAAGA AGTTATGGTG TCTGTGTtAA GAGCGCCAAr AACATTtTACA CGCGArGATA 1020  
 10 TTATAGAgAT TAATTGTCAT GGTGGtATTk TAACGATTAA TAGAGTGCTG GGA 1073

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 415:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3176 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 415:

CTTTACCAAT GCCAAATCCG AAGTAAAGTA TAGCAATAAA GATTACTAAT ACAATTCTGT 60  
 AAATGGCAAA TGGAATTAGT TTGATTTTGT TAATTAGATG CAAGAATGTT TTGATTGCAA 120  
 25 TTAGTCCAAC AGTAAATGCA GCTAAAAAGC CTAAAATATA AAAAGGTATA TCAGCAATCT 180  
 GAATATCTTG ATAATGTTTT AATAAAGATA AACCCTAGC TGCTAACATA ATTGGAACAG 240  
 CCATAATAAA TGTAAGTCC GATGCTGCTT TATGATTTAA TTTCATTAAT ACCCCAGTTG 300  
 30 AAATGTTTGA GCCTGAACGG CTGAAACCAG GCCACATAGC TACTGCTTGA gAAATACCAA 360  
 TTACAAATGC TTGGAAATAA CTGATTTGAT CTACTGTTTG TGGGTTTTTA ACTTTAGCTG 420  
 AGTATTTATC AGCAATAATC ATATAGATAG CACCTACGAA TAAGCCAATC ATAACAGTTG 480  
 35 GCACACTAAA TAAATGTTCT TCGATGAAAT CATCAAATAG TAAGCCTAAA ATACCTGCTG 540  
 GCACCATACC CACTAATACA TGTAATAAAT TTAAACGTCT TGGCTTTGAA CGTCTTTGTT 600  
 40 GATCGTTATC TCCTTCAACA TGTTTGTGTT TACCAATATG TAAAATCTCT AAGAAGCGTT 660  
 CGCGGAACAC CCATGCTGCT GCAAAGACGG ATCCTAATTG GATGACGATT TTAAATGTAA 720  
 ATGCTGACTG AGAACCTAAA AATTCAGATG ATTTTAACCA CATATCATCA ACTAGGATCA 780  
 45 TATGTCCAGT AGAGGAAACA GGTGCAAATT CTGTTAATCC TTCGACGACC CCTAAGATAA 840  
 TACCTTTTaT TAATTCAATG ATAAACATAA TGTACCCACT TTCATTACTC AATTTAATTT 900  
 ATTTAAATAT CAAAATTACC ATATCATGAT AGCATATTCA TTTAAAGACA TGCTAGTTAT 960  
 50 AGTTATAATA CTAGACTAAA GATGTATATA TTCATTTTCT TTTACATGTA AACTACAAT 1020  
 ATTTTATTGA GCTATTTAAT TTGATTTTAA GGAAAACCTT TTATAATAGG TTTAGGTGAT 1080

	TTCTTGGTCA	GTACTGGTCT	CGGCATAATC	GTTATAACGC	AAAATATTTT	AATAGCAGAT	1200
	TTTTTAGCTA	AAATTATAAG	ACATCAATTT	CAAGGTTTAT	GGATTGTATT	ATTTATTTTA	1260
5	TTAGGTGTTT	TACTTTTAAG	AGCAACTGTG	CAATTTCTAA	ATCAATGGTT	AGGTGATACA	1320
	TTAGCATTTA	AAGTTAAGCA	TATGCTTAGA	CAGCGGGTTA	TTTATAAAAA	TAATGGTCAT	1380
	CCAATCGGTG	AACAAATGAC	TATACTCACA	GAAAACATTG	ATGGTCTAGC	ACCTTTTTTAT	1440
10	AAGAGTTATT	TGCCTCAAGT	GTTCAAATCA	ATGATGGTTC	CGCTCATCAT	AATCATTGCA	1500
	ATGTTTTTCA	TCCATTTCAA	TACCGCATT	ATTATGTTAA	TAAGTGCACC	ATTTATTCCCT	1560
15	TTGTTTTATA	TTATTTTCGG	TTTGAAAACG	CGAGATGAGT	CAAAAGATCA	AATGACTTAT	1620
	TTGAATCAAT	TTAGTCAACG	GTTTTTAAAT	ATTGCTAAAG	GTTTAGTGAC	GTTAAAGCTA	1680
	TTTAATCGTA	CAGAGCAAAC	AGAGAAGCaT	ATTTaCGACG	ATAGTACTCa	GTTTAGAACT	1740
20	TTAACAATGC	GCATTTTaCG	CAGTGCTTTT	TTATCGGGAT	TAATGCTCGA	ATTTATAAGT	1800
	ATGTTAGGTA	TTGGATTGGT	TGCATTGGAA	GCAACGCTAA	GCTTAGTAGT	ATTCATAAT	1860
	ATTGATTTTA	AAACTGCGGC	AATTGCGATT	ATTTTAGCGC	CTGAATTTTA	TAATGCAATT	1920
25	AAGGACTTAG	GGCAAGCGTT	CCATACTGGA	AAACAAAGTG	AAGGTGCCAG	TGACGTTGTG	1980
	TTTGAGTTTT	TAGAACAACC	GAACTATAAT	AATGAATTTT	TATTAAAGTA	TGAGGAAAAC	2040
	CAAAAGCCAT	TTATTCAGTT	AACAGACATA	TCATTTTCGAT	ATGATGATT	TGATAGATTG	2100
30	GTATTAAATG	ATTTAAATTT	GGAAATATTT	AAAGGTGATC	AAATTGCACT	TGTAGGTCCA	2160
	AGCGGGGCAG	GTAAATCCAC	TTTGACACAT	CTTATTGCAG	GTGTTTATCA	GCCAACAATA	2220
	GGTACTATAA	GTACAAACCA	GCGTGATTTA	AATATAGGAA	TACTTAGTCA	ACAGCCATAT	2280
35	ATTTTCAGTG	CTTCTATAAA	AGAGAATATT	ACGATGTTTA	AAGATATAGA	AAATAATACT	2340
	ATTGAAGAAG	TGCTAGACGA	AGTAGGTTTA	TTAGACAAAG	TGCAATCTTT	CACAAAAGGC	2400
40	ATTAACACAA	TAATAGGTGA	AGGAGGCGAA	ATGTTATCTG	GTGGACAGAT	GAGACGCATA	2460
	GAACTTTGCC	GTCTTTTAGT	TATGAAGCCA	GATCTCGTTA	TATTTGATGA	GCCTGCAACT	2520
	GGTTTAGATA	TTCAAACAGA	ACACATGATT	CAGAACGTTT	TGTTTCAACA	TTTTAAAGAT	2580
45	ACAACGATGA	TTGTCATTGC	ACATAGAGAT	AATACAATTC	GCCATTTACA	ACGACGCTTG	2640
	TATATAGAAA	ATGGAAGACT	GATTGCTGAT	GATCGCAATA	TTTCAGTAA	TATAACAGAA	2700
	AATGGTGATG	ACTTATGAAA	ACACGACTAA	AATTTCAAGT	AGATAAGGAT	TTATTGTTAG	2760
50	CTATAGTTGT	TGGTGTGTTT	GGAAGTTTAG	TTGCGCTCGC	CATGTTTTTC	TTAAGTGTTT	2820
	ATATGGTGAC	ACAAAGTGCA	CTTGGTGCGC	CACTATACGC	TCTGATGATT	TTAGTCGTTA	2880

55

ATAAAGCTAC ATTTACAATG CTACGTGATA TTCGGGTACA GTTTTTCGGT AAATTAGTAA 3000  
 ATGTCATTCC TAATGTTTAC CGTAAACTGA GTTCTAGTGA TTTAATTTCA CGTATGATTA 3060  
 5 GTCGTGTTGA GGCATTACAA AATATAKATT TACGTGTTTA TTATCCACCA GTCGTCATCG 3120  
 GTTTGACAGC GCTAGTTACA GTCATAGTTT TGGCGTTCAT TTCAATCGGC CATGCG 3176

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 416:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2109 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 416:

20 TCTTTATTTC AATTTCCAAT TGAATTTTTT TATTATTTAC GCATAGCTCT TAAAATTAAC 60  
 GTTACGATTG CAATTAAGAT AATTGAACCA ATTAATGCTG GCAAGATGTA AATACCTCCT 120  
 AATTCAGGAC CCCATTGTCC GAATAGTTTG CCACCTACCC ATGATCCAAT AATACCTGCG 180  
 25 ATAATATTGC CTAAAATACC ACCTGGGATA TCTTTACCCA TAATAGCACC AGCAGCCCAT 240  
 CCAATTAAGC CACCGACAAT TAACATTCCA ATAAATCCAA ACATAATTTT CAGTCTCCTT 300  
 TTTCTATTTA TTTTGCGTTA TTCTAAGTAG TACCCCTTAT TTACAATTCT AAAACAAATT 360  
 30 CAAATTATTT TTATCCAAAT ATTTTAAAA GTAGTAATTG AATATCAATT TTATTCAATG 420  
 TAGCTATCGT TATTTAAAGT CTCTGTACCG ATAATATCAT ATACATTTAC ATTATTTTTT 480  
 CTGCCGAATT CATAGCTTGA TTATTTTATG TTATAGGACT AGAATATACA CATATTATTA 540  
 35 GAGCATCTTT GAATTTTAAA TCAAGAAGCG AGGTTAATGA ACAATGAATA TGCATATTTT 600  
 ATATAACTTA CGAACTAAAC ATAATTTAGA AATTGACGAA TTAGCACAGC AATTAAATGA 660  
 GAAATATGGT ACTAAATATG AAGCACATCA AATTGGGAA TGGGAGAATC ATCACCATGA 720  
 40 ACCTAAATTT AAAGATGCCA TGCATTTAGC TGACTCTTT GATGCACCAT ATGAAATGTT 780  
 TTTAGAAAGT AAGGTTAAAG AATATCAGAA ACATTTAGAA GAAGTCGATA TTCGCATGGA 840  
 TAAATAGATG CAAATAAACC CTCACAACAC GTTTGGCATA TATCCTTTCA AATCTATACT 900  
 GGATATATTA CATTACGTTG TGAGGGTATT TTATTAATTA ATATGAATTA AGACATTTTA 960  
 CAAGCGTTAA TGCAACGAAT CTTTITAGTG ATCTTGCTCA CTCTTTAATA CTTTACCGTT 1020  
 50 CTTAGCATCA ACAGTAACTT CTGTGTTTTT ATTACCTTTT TTCAAATCGA TATTGTAAAC 1080  
 AAGTTTGCCA TCATCTTTTT CAAGTGACCA TTCTTTAATA TCACCATCAA ATTCTTTTTG 1140



	ATTCATGTGA TCTTCTTTTT CAGTCTTTTT GTTAATCACT TTTTATTTT TATCAGCAAC	1260
	AAGTACTTCT GACTCTTCAC CAGATTTTTG TTGCGTCACT TTATAAGCCC ATTCACCATT	1320
5	AGAAATTTCA AATGAAATTC CTTTCAACTT TTGGCCTTTG TAAGTTTCTT CAGCTTTTTT	1380
	CACAGCATCT TCTGGGCTTG TTTTAACATC TTTTAAAGCA ATAACATCTT TTGTTGTATT	1440
	AGTGCTTGA TTAGTATTTG ACTCTGTTGA TTTTGTTC A TCTTTTGGAG TATCATTGCC	1500
10	ACATGCAGTA AGCACCACCG CTGACATTGA TAACACTGCT AATGATTTTA ATTTCATAAT	1560
	ATCACTCTCT CTTCTTATTT TTGAACTCA TAACAAAAGC TTATATGCTA TATAGATTGT	1620
15	ATTACCCCTT GTTTTTAATT TTATTCATAA TTATTACAAA TATTTTTTAAA TTAATCGTCA	1680
	TGCGTTACTT TCGTTCGTAC TCCTTTTATA AATGAACCAT GTAATATAAG CATGCTATTA	1740
	TCGACTCAGT TTGTCTAATG CTTTCTTTGG TACTTCTTCC TTTTCAACTT CTTCAAAAGT	1800
20	TTCTACATGA TGACCTTTAT GTGTAATTTT CAAGTATCTA TGCGGTTTAA CATCAAATGT	1860
	AGCAGTATAC ATTAATTGCG TCTCTTTCCC TTCTTTATTA AAAACACTTT GACTATAACT	1920
	TCGGAGTTGA TCATCCATTC TAGTAGACAC CTCTGTCGTT TTAACATAAG AATCATCCTT	1980
25	CTTTACTAAT GGGTTAAATT GATCTGTTAT ACCATGGGAG TCTATTGTTT TTAAGATGAA	2040
	TAAAGCagCA TAAGCGCCAA TGATAGTAAG TACAAGATat GtKATTGTTT TTAAGATCGT	2100
	TTCAAAAGA	2109

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 417:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 813 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 417:

40	GTTACATAAA TGAAAACAAA AAAGATAATT TTACTGCTTA TGCTACACCA GAACATAATT	60
	ATCAATTTGG TGGTGCTATG ATAGAAAGTG AAAAATTAAG CGAGTTACTA AAGCCAGCCA	120
45	ATCAGTTAAA ATCACCAGAT GATATAAAAA AAGAACTAAA TAAAAAGAAG AGTCACTAAA	180
	GTTAGGAGTT ACTTTAATGT CCAAAAAACA TGTTTTTATA ATTATTGGTG TCATATTGTG	240
	TATATGTACA GTTTCTACGG TCATGCATTT TAAATGAAA TATGATGAAA AAGAAAAACA	300
50	AAAAGCGATT TACTACAAAG AACACAAGA ACGTATTACA CTCTATCTTA AGCATAATAC	360
	TAAAGAAACG AACACGATTA AATCTGTACA TTTCACAAAC TTGGAAACAA GTCCTATGGG	420

55

EP 0 786 519 A2

ATCGCCTGAA CATAATTATC AATTGGTGG CGCTATGATA AAAAGTGAAG GAGTAGATAA 540  
 ATTATTAAAA CCAGCACATG AAAGAAAATC ACCAGAAAAA ATCAAAGAAG AATTAGATAA 600  
 5 AAAAGAAGGC CACTAGGGTC TTCTTTATTT TTGATTTAAT CTTCCAATAA TCTATGTCAT 660  
 TGCTATCGAA GGTGTTTCGC AATTAAATATA AATCACTTCA TCATCACCAA TACTTCCCCA 720  
 10 GTTTTGTACA GTACATTAAC ACAAACGAAC CACGTTAATT TAAATGGAWT AaTAGTTTGG 780  
 CCATTATAAG AACAATATAT ATCGAnTAAC AAT 813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 418:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 640 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 418:

AAAAGCAATC GTTGGTGGTG CTAAATTCAT CGGCAACTCA TATGTAAAAG CTGGTCAAAA 60  
 25 TACACTTTAC AAAATGAGAT GGAATCCTGC ACATCCAGGA ACACACCAAT ATGCTACAGA 120  
 TGTAGATTGG GCTAACATCA ATGCTAAAAT CATCAAAGGC TACTATGATA AAATTGGCGA 180  
 AGTCGGCAAA TACTTCGACA TCCCACAATA TAAATAAGCA ACATGAACAT AGGATCAAAA 240  
 30 GTCATCCCCC ACTATCAATC ATGGGGGATG ACCTTTGATC CCTTTTTTAT ACATACACAA 300  
 GCAAAAATAG CGGTGATTGT TTACCATCAA TTTAACAAT CACCGCTACT TTTGCTTGTA 360  
 ATTCATGATT CAATTTTTGT TGTGTGCACA ACGACACTAA ATTATGTGTT TGCTATTGTC 420  
 35 GTGTTACAAC GATATGCGTC GTTGATTTAA CTTATCAAGT AATTGATTTA AATTGTCTAA 480  
 TTCGACTTCC GATAAACATT GACATCTTGC TTCAATCAAT TCGCAACGTG CATTATTTAT 540  
 40 TTGTGAAATT AATGTACGTG CTTGATCAGT CAAAATTAAT TCTTTACATC TTAAATCTTC 600  
 GCTAGATTGT TGACTTGTGA TGTACCCnnt CAAAACTAAT 640

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 419:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 419:

EP 0 786 519 A2

TTCTTGGATA CGTAATAAAT TACCTTTTGT CATAGGATTA AACATAGATC CAGGTAAAAC 120  
 ATAAACATT CTATTTTGCT CTAATGCAAA ATCTATCGTG ATGTGACTGC CACTTTGTTC 180  
 5 CTTAGCCTCA GTAATTAAAA CCCCTTTTGA CAAACCGCTG ATAATTCTAT TGCCTCAGG 240  
 AAATCTATAT TTAGCGATTG GTGTATGTGG TGGATATTCA GATATAACTA AACCTTTTTTC 300  
 TTCTATTTTA TTTCTTAATG CTAATGTACT TTTGGGATAA TGTGTTTGAT GGCCAAAGGC 360  
 10 TAAAACTGCA ATTGTAGGGA GATTGTATTT TAAAGCTATT TGATGTGCCA TTGCATCAGC 420  
 TCCTTGAGCA AGGCCGGAAA CAATTGTAA ATATTTGCTT TTATCATTG ATAATAAAAA 480  
 TTCTAAAGAC TGTGGGTAT AACTGTAGA ATCTCTGCA CCTACTACTG CCAAATGATG 540  
 15 CATATTATTT ATTAATTTGA TGTCCCTTT ATAGAAAAGA AGTAATGGAA ATTGATATAT 600  
 TTCTTTTAAT AGCACTGGGT ATTCAGAATC CATATATGTA ATGTAACITA CTTTAAATTT 660  
 20 CTGCAGTTCT TTAATAATAT CGTTATGATC AAGTTTTATA AAAGCATAGT ATTTACGTAA 720  
 TAAATGAACA TTTTCTTCCC TATTCACCCA TTCACATAAA TAACTATCTT TTTTCTTCC 780  
 CTCCTCTTTA ATTACATTAG GATATGCCAT TAAAAATTGA TGAATTTGTT TAGTCGAAAA 840  
 25 GTGTGCCCAG TATAACTTAA GCAAAAATAG TTTAATCAAT AAATCAACTC CTTTTGTAA 900  
 TCATACAAA TCATATTCTA TTTTGTGTTT ACATTTCTAA TACAAAACA TTGTCGATGT 960  
 AATGTTATTT TAAGGAGTAA AAATACTGAC TAAAAAGTG AAAAGTATGT TGGAAAGAAT 1020  
 30 TTAAATTTT AATTTCCAAC ATACTTTATA ATTAAACCTT ATAAATAAGT TTTGCAAAT 1080  
 TATATAGAAT TGGTCTTACT GGTGATGA AATCACCAAT TAATTCTTCA ACATGTGCAT 1140  
 TAAAACCCTT TTAAATTG 1159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 420:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1879 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 420:

TCAATCAGCG ACTACAAGAA GTGCGGGTCT TCAAACAATT GATGTGACAA CACTAAGTGA 60  
 CCCCACTAAT ATTATCATGG GTATTTTAAT GTTTATAGGA TCTTCGCCAA GTTCGGTTGG 120  
 50 TGGCGGTATT CGTACAACAA CTTTCGCTAT TTTAATTTTG TTTTAATTA ACTTTAGTAA 180  
 TAATGCCGAT AAAACATCCA TTAAAGTTTA CAATAGAGAA GTACACATTA TGGATATTCA 240

ATCAGCTACT GAAAATGGTA AGCTTACATT TTTACAAGTA TTTTGAAG TCATGTCTGC 360  
 ATTTGGAAGT TGTGGACTAT CGCTTGGTGT CACAAGTGAT ATTAGTGATA TTTCTAAGGT 420  
 5 CGTACTAATG ATACTCATGT TTATAGGACG TGTGGCTTA ATATCATTTA TCATTATGAT 480  
 AGCAGGACGT CGAGAACCAG ATAAATCCCA TTATCCAAAA GAACGTATTC AAATAGGATA 540  
 ATATAATAGC AATCTAAGTT TAGTTAATGT AGATTTTAAC TGGAACTTAG ATTGCTTTTT 600  
 10 TAGTTTGTAT TTTTAACTTA TTTTATAAGA CGATTGGTTT CGAAAATGGT AAAGTAGTAA 660  
 CAATGAGAGG TGTAACATGA TGGAAAAAAA TGAAAACATT AATGTAGAGA TTTTAACTAC 720  
 GTCAGATATG CATAGTCATT TCTTAAATGG TGATTATGGT TCAAATATTT ATAGAGCTGG 780  
 15 TACTTATGTT AACCAAGTAA GAGCACAAAA TCATCGCGTC ATTTTATTAG ATAGTGGCGG 840  
 AAGTTTAGCT GGCTCGTTAG CGGCCTATTA TTATGCTATT GTTGCACCTT ATAAACGACA 900  
 20 TCCAATGATA AAGTTAATGA ACAGAATGCA TTATGATGCT AGCGGTGTGA GTCCAAGTGA 960  
 ATTCAAGTTT GGTATATCAT TTTTAACTCG TTCAATTGCT TTGGCACGTT TTCCATGGTT 1020  
 ATCAGCAAAT ATTGAATACA ATGTTACTAA GGAGCCTTAT TTTTCAACTC CATATTGTAT 1080  
 25 TAAACATTTT GGTGACTTAA AAATTGCTAT CGTAGGCGTC ACAGCAGATG GTTTAATGGA 1140  
 AAATGAGTAT TCTGAAATGG AGCAAGATGT ATCTATTGAA AAGACATTAG TGGCATCAAA 1200  
 ACGTTGGATT AGATATATCC ATGAAGTTGA AGAGCCAGAT TTTTGTATTG TAATTTATCA 1260  
 30 TGGTGGATTG AATAAAATTA GTAATAGTAC GAAAAATAAA AAGGCAAGTT CGAATGAAGC 1320  
 TGAAAAATTA ATGGAAGAAC TCGGTGTTAT AGATTTAATG ATTACAGCTC ATCAGCATCA 1380  
 AACAATAGTA GGTCAAGATC ATGAAACGTA TTATGTTTCA GCTGGTCAAG ATGCCAAAGA 1440  
 35 GCTTGTACAT CTTTCGATTA ATTTTAAAAA GAGAACAACA ACTTATGATG TTGAAAGCAT 1500  
 TGATTCTAAA GTGATTGACT TAAATGAGTA TGAAGAGGAT CAAGAATTAT TAGATTTAAC 1560  
 ATTCTATGAT AGAAAAGCAG TGGCTTATTG GTCACAGGAA ATCATAAGTG ATAAAGGTTT 1620  
 40 GATGTTATCA GTAAATGGGT TACAAGATTT AGTCTGTCAA ACACATCCAT TTTGCAATT 1680  
 ATTACATGAT GCAATTCACC TTGCATTTGA TAATGATATA ACATGTGTCC ACGTGCCTAT 1740  
 45 GaACGGAGAG AAGGGGTTGA GTGGACAGAT TCGAAATGAA GrTTTGTATC aTGCATACCC 1800  
 ATaTCCAGAT aAGCCaTGGG tATGACAATT aGTGGTCAAA ATaTCAAGGT ATnTTGGGGT 1860  
 ATAGTTATTC ACCATTAGG 1879

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 421:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2710 base pairs

55

EP 0 786 519 A2

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 421:

	AATTCCCCCT TTTTCCCCAT CCATTTTnCC ATCCACTGGT CCTTACGGGA CCATATTATT	60
10	TnAAATTGGA nAAAATTATt TTAAAGaTTA TwACTACTCT TtAATCATTT TrGTGAATTA	120
	AAAAAAGTAG TGCAAAAAGC AAAATATACT TTATACACTA CAAATCATTT ATTTATAATA	180
	AAGTTTCACC AAAAAATGTT CCAACTAATG AAACCGCTTG TTCAGCAGTA TGATTATTAC	240
15	TGTCAATCAA TGGATTTTACT TCAACTAAAT CCATTGAGGA AATTAAATGT GATTGATGCA	300
	GTAATTCCAA TGCAAAATGG CTTTCTCTAT AACTAAGACC ACCCAAACT CTAGTACCAG	360
	TGCCTGGCGT TTCAAGCGGA TCTAAAGCAT CAACATCTAA AGATAAATGA ACGCCATCAA	420
20	CATTGCGTGA CTTCAAATAT TCTATTGTAT TTTCAATTAC TTCCTTTATC CCCAATTTAT	480
	CAATATCTGA CATAGTAAAT GTTTTAATAT TATGATCTTT GATAAATTGT CTTTCACCTT	540
	TATCTAAATC TCTCATACCA ATTAGTACGA TgnTTTCTGG CTGATTACA TTACnATTTA	600
25	ATTCTAAAAG TTCTTTGGGA CCTTCGCCTG TCAAAATCCT TAGAGGCATA CCATGAATAT	660
	TTCCACTTGG TGA CTCTTCA GGTATATTTA AATCACCATG TGCATCATAC CAAATAACAC	720
	CTAAATTATT ATAATGTTTA CTTATTGCTG ATACTGAACC TACCGCAATA GAATGATCTC	780
30	CACCAAGAAC TAGAGGAAAT CTGTTATTTT CAATTGATGC TGAAACCTCT TTATTTAATT	840
	TTTGATTAAAC ATCTATAATT TCATCATAAT TTCTTAATCC TTTTGTTCAT CTATGAAATT	900
	TTTCAATGTT CACAGCAGGt ACCTTAATAT CCCCTTGTC ATATACATCA AGGTCTAATT	960
35	GCTTTAATCT TGAAATTAAT CCAGCATATC TAATTGCTGT TGGTCCTAAA TCAACACCTA	1020
	ATTTTCTTTG TCCAAATGTT GATGGTGCAC CTATAATATC AATTGCTTTT GTCTTTGTCA	1080
40	TAAGCGTCCC CCTTTGCTCT ATGTAATTAA AGAATAATGT ATGCGCTTAC CATTATCAAG	1140
	CAATAGCTAC ACATATAATC TGTATTATCTT ATTACTTCAT AAAAAAGGT TCTTCATCTT	1200
	TTATGGTGGG AAGGTAAAAC TTCCTGCTTT TTTTAATACA CAAAAAGCGC AATTGCCTCT	1260
45	ATAATTAAAA GTGACCAAAC CCAAACTAAA GGAGACAAGT GCGCCTATGT GTAATGATAC	1320
	CTTAGAATTA CTAAGAATAA AAGATGAAAA TATAAAATAT ATAAACCAAG AAATTGACGT	1380
	CATTATCAAA GGAAAAAAG CAACAGTGGT TAATGCTGTA CTAACGTATA AGCCTTCGGC	1440
50	CTGTTATTGT TGTGGAGTTA AAAATGAAGG ACAAATTCAT AAACATGGTA AGCGTGTTC	1500
	TCGTATTACT TTA CTTAAAA CTCAAGGGTA TAACACATAC CTCAACTTAG CTAACAACG	1560

55

GTGTTTTATC TCAAGATGTG TTAAGTCAAAA AGTTATAGAA GAAGCTACTA AAGTTAAAAC 1680  
 AGAGATTGAT ACTGCAGAAG ATAAGTGTAT CTCTCCATCT ACTGTAAGTC GTATTAGAAC 1740  
 5 TAAAGCGGCT AATTCATTAC GAATTAAACC CTTTAATTGT TTGCCAGAAC ACATCGCTAT 1800  
 GGATGAATTT AAAAGCGTTA AAAATGTAAC TGGATCAATG AGTTTCATTT TTATAGATAA 1860  
 TGATACTCAT GATGTTATAG ATATTTTAGA AAATAGAAGT ACAAGATTCT TGCGTGCCTA 1920  
 10 TTTCGAGCGA TTCGATTTAA AAAATCGACA ACAAGTTAAG ACGGTTACTA TTGACATGTA 1980  
 TGAACCTAT GTCCGATTAT TTCGCGACCT ATTTCTTAAT GCAGCTATTA TTTTGTACAG 2040  
 ATTCCATATC GTTCAACATT TAAATAGAGA ACTTAATAAG TATCGTGTAC AAGTTATGAA 2100  
 15 TGAATACCGT AATAAAAAAG GACCTGATTA TACAATTTTT AAGAATAACT GGAAAGTCCT 2160  
 ATTGATGGAT ACTAGTAAAA CCATATTTAG TAAATACAGA TGAATAAAT CTTTAAAGGC 2220  
 TTATAAACGC TCATCTGACA TTGTAGAATT CATGCTTTCA AAAGACGATA TACTACGACA 2280  
 20 CTCCTACGAA CTTGTCCAAG GATTACGAAA AGACCTAAGG TTATGTAATT GGCCTAAAT 2340  
 TATTAATCGT TTAAATTCAG TTAGTAAAAA GTCTGTGAGT AAGGGTGTAT GGAAAGTGGT 2400  
 TAAATATTAT AGAAAACATC AAAGGATGTT AAGAAATACA ATTTATTACC CAGCATTATA 2460  
 25 TAATGGTGCT ATAGAAGGAA TTAATAATAA GATAAAATTA ATCAAGTGAA TTTCTTTTGG 2520  
 TTACAGAAAT TTCAACAACT TTAAGCAGC TATAATGATG aTTTTCAGCT TGTACAAAGG 2580  
 30 AGaAAAAAAG AAGACAACCA AGCCCAATAA TGGACTGGCC GCCTAATAwA nGGGskCTAA 2640  
 AAGTTgTATT TTTAAAAATA GTTCCTTTAA ATTATATACC ChCCACATTT GGGGGAGGAC 2700  
 CTAAAAAAGC 2710

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 422:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1027 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 422:

45 CATTTTAATT GtTaaaATTC CAAAAAAtGT ArGTGGATTw AAAGrAAAACC CtGTGTTTTT 60  
 AAAAGGtACC ATTaaaATAg TTCCGATTGT ACCATCCCAC GTGAAAtTTT TAgtAtTGCC 120  
 GGTGaGAGAA AATGCCAATG CAATCATCGC AGTTCATAAT CATCCATCCG GTGATGTAAC 180  
 50 GCCCTCACAA GAAGATATCA TAACAACAAT GAGGTTGAAG GAGTGTGGTT TGATTTTAGG 240

55

GGGTTACTTT GATGAAAATG ATTGAAGTTG ATAGAATTAA TGACGTATCT TGTGTATAAT 360  
 ACCTACGAAG TACTTTTCATT GGAGGAAAAA TAGTGACTCT ATTTATTATT ATCGGGGTTT 420  
 5 TCGTGCCAAT GGTTTATACC ATGCAGTTAA ATATTAAAAA TGAACCTGTa ACAAAGCGCA 480  
 ATCTTTTAAT AACATTAGCT TTATCTACGT TAGGTATTTT AGTAACCGCG TTAGCAGGTG 540  
 TAATCGTTAC GAAACAAGCT TTTCTTTTAT TAAGTGTAGC AATTGGCTCA ATTTTACTG 600  
 10 GAATCGTTTG GGGCCTTTTA CTAAGTGGTA GcTACGCGCT GATACGATTT TTATCTAACG 660  
 CATTTGGGCG TAAGTAATAG TAATCTGTTT ATCAAGTAGT ATCCGTGCTT GAAAACAAAC 720  
 TAAACTCCT AATGTGGAAC TAGTTAAAAA ATTCTAAACT AGTACATTAG GAGTTTTGTT 780  
 15 ATGCAGAATA AATTTAATTG TTAAATTGAA AGTGCGGTAA AAATCCACTA TTTATTTGAA 840  
 AAAAATCGAG CAACCAAATT AAACCTTGAT ATCCTAAGTA AATACATAAT AAAACAAGTC 900  
 CGACATAAAT TAAAAATCGC AAAATAGAAA GTCCAACCTCT AAAAAGGAGG ATGACTAATA 960  
 20 GTGCTATTAA AATAATTGtt AGTATACTCA ATGCTACAAA CCTCCTArTA CGCTTTTAAA 1020  
 TCCATAA 1027

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 423:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 569 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 423:

CGGCACATTT TTAATTTATA CATATTTTAA AACTAAGTAA CAGTTTGAAG AAATCGTAGT 60  
 TCAATAATGT TAATTGTGAA AATGTATATA AACATAAAAA AATCATGTAT AATATATGTT 120  
 GTTAATTAAA CAGTTCGAAA GCGAGATGAC ATTATGGGAC GTAAATGGAA TAACATTAAA 180  
 40 GAAAAAAAGG CCCAAAAAGA TAAAAACACA AGTAGAATAT ATGCGAAATT TGGTAAGGAG 240  
 ATTTATGTTG CAGCAAAATC TGGTGAACCC AATCCAGAAT CTAACCAAGC TTTAAGGTTG 300  
 GTGCTTGAAC GCGCTAAGAC ATATTCAGTG CCGAATCATA TTATTGAAAA AGCAATAGAT 360  
 45 AAAGCTAAGG GTGCTGGAGA CGAAAACCTT GATCACCTAA GATATGAAGG ATTTGGCCCA 420  
 AGCGGATCAA TGCTAATTGT TGATGCGTTA ACAAATAATG TAAATCGTAC TGCCTCTGAT 480  
 GTGCGAGCTG CTTTTGGTAA AAACGGCGGT AATATGGGTG TATCTGGATC AGTTGCTTAT 540  
 50 ATGTTGTTCAT GTGGCCACAT TTGGTATTG 569

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3264 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 424:

10	TGGACCTATA AAATGGATGC ATCCAAATAT GGATGnGGGG TAnGGCGGGa AAATAGGaGG	60
	TTATATAGTA AGTCATTAA GTCGAATAGC CATCCTTTT AAAATGAAAA AAATAGAAAG	120
	CTCAATAGTT TGTAAAGCC TTAAATAGC GTCGTTACGC AATTTTAGAA TGCTAAAAAT	180
15	TGTCACAAAT TTCAAATTAC GTGCTAAAGC TTGAGATATC AATATTTATT GCGATAGAG	240
	TGTAATTTGA CTCCGCTTAC ATCTCAGTTT TATGTTTGTA ATTGGTAGC ATAATATTAT	300
	AATAAAATAA AATTGTTAAT CTTTAATTTT AGTATAGATA TTTTACGTG TAGTCACGTG	360
20	TAAAATAAAT TCAATTAGGT TAGGAGACAT AATTATGAAA ACATTTGGTA AAAAGGTTGT	420
	ATTAATCGGA GATGGATCTG TAGGATCAAG CTATGCCTTT GCAATGGTTA CGCAAGGTGT	480
	TGCTGATGAA TTTGTAATTA TTGACATTGC AAAAGACAAA GTAAAAGCAG ATGTTCAAGA	540
25	TTTAAACCAT GGTACAGTCC ACAGTCCTTC ACCAGTTGAT GTGAAAGCAG GTGAATACGA	600
	aGaCTGTAAA GATGCAGATT TAGTTGTTAT TACAGCTGGT GCACCTCAA AGCCAGGTGA	660
	AACACGTTTA CAATTAGTTG AAAAAAATAC TAAGATTATG AAGAGCATCG TTAAGAGTGT	720
30	TATGGATAGT GGCTTTGATG GATATTTCTT AATCGCGGCA AACCTGTAG ACATTTTAAC	780
	AAGATTTGTA AAAGAATATA CTGGATTACC AGCAGAGCGT GTTATCGGTT CAGGTACTGT	840
35	ATTGGACAGT GCACGTTTAC AATATTTAAT TAGCCAAGAA CTTGGTGTTG CACCTTCAAG	900
	TGTTGACGCT AGTATTATTG GCGAGCATGG TGATACTGAA CTTGCAGTTT GGTCACAAGC	960
	AAATGTAGCA GGTATTTTAC TATATGACAC ATTAAAAGAA CAACTGGTA GCGAagcTAA	1020
40	AGCGGAAGAA ATTTATGTGA ATACACGTGA CGCTGCTTAT GAAATTATCC AAGCTAAAGG	1080
	GTCAACATAC TATGGTATTG CATTAGCATT GATGCGCATT TCAAAAGCCA TTTTAAATAA	1140
	TGAAAATAAT GTCTTAAATG TTTCTATACA ATTAGATGGT CAATATGGTG GTCACAAAGG	1200
45	CGTTTACCTA GGTGTACCAA CATTAGTTAA CCAACATGGC GCAGTTAAAA TTTATGAAAT	1260
	GCCATTAAGT GCCGAAGAAC AAGCGTTGTT CGATAAATCT GTTAAAACAT TAGAAGATAC	1320
	ATTTGATTCA ATTAAATATT TATTAGAAGA CTAAGCCTAT TTTAAGTATT AATTAGAAAT	1380
50	ATATTAATGG TAAGAGGATC TATTAGTGT GCAGTAACAC GTGGCACTGA TAGGTCCATT	1440

55



## EP 0 786 519 A2

	TATGACTCGT GAAAATTTAG TGACATGAAT AAAAATGTTG AGGCGTCATT GAGTATAAAG	1560
	GAAAGTAGTT CTGCATTAAT CACGAaGTAG AGCATGACmA CGAGGAATAA CTATAGGGaG	1620
5	ATGGTTTTGG AATGACGATG TCTTGATCA ACATGGTACA TTAGGTACGT TAATGGCTGG	1680
	CTTACTAGAA GGCACAGCTA CAATTAATGA ATTGTTAGAA CATGGGAATT TAGGGATTGC	1740
	AACGTTAACA GGGTCTGATG GCGAAaAATA TTTTtagacG GAAAGGCATA TCATGCTAAC	1800
10	GAGCATAAAG AATTTATAGA ATTTAAAGGC GATGAGAAAG TACCGTATGC ATCGATTACT	1860
	AATTTTAAAG CGAGTAAGAC ATTTCCATTG CAACAATTAT CACAAGATGA TGTATTTGCA	1920
	CAAATTAAAA ATGAAATGTT AAGTGAGAAT TTATTTTCGG CTGTAAAAAT TTATGGCACA	1980
15	TTTAAACATA TGCATGTACG AATGATGCCT GCTCAGCAAC CGCCATATAC ACGTTTGATT	2040
	GATTcagCAC GCAGACAACC TGAGGAAAAA AGACAAGATA TTCGTGGTGC CATTGTTGGA	2100
20	TTTTTTACAC CAGAATTATT TCATGGCGTA GGGTCTGCTG GTTTTCATAT ACATTTTGCG	2160
	GATGATGAAA GAGCTTATGG TGGACATGTT CTTGACTTTG AAGTGATGA CGTTGTCGTT	2220
	GAGATACAAA ACTTTGAAAC ATTCCAACAA CATTTCccGG TAAATAACGA GACGTTTGTT	2280
25	AAAGCGAAAA TAGACTATAA AGATGTGGCA GAAGAAATTA GAGAAGCTGA ATAGTCTAAT	2340
	ATAATTAAAA GACCTTAGCG ATATTAGGAA CAGGTGGTTC TAAATGCATC GTTAAGGTCT	2400
	TTTTATATTA TATATGTGCT TACATATTTT GTTGATACGC GCGTAAAAAG CTATAAATAG	2460
30	TATCAAGATA TGGGGTGTCA AGAATGTGTT CACGTGCACG TCGATAAATA AAGCCTTGAA	2520
	TCGCTTCGAC TTCAAGAGGT TGCTGATGCG CAATGTCGTA ATACATGCTC GTTCCCATT	2580
	CGTCGGGATA ACCTTGATAT ATAGTCATAA TAGTATCGAC AGTTTGTCT GAAAAGTTTA	2640
35	ACCCCTCTGC CTGTGCAACA CGACAACCAT CTAGTAATAG CTGTCTACAC AGTGTAAGTA	2700
	TTTCAGGATT ATGCATGATT GCAACGGTCT GTCTACCGAG TGCTGTGATA GAATTAATGC	2760
	CCAAGTTAAC TAACAATTTA TACCAAATAG CTTGTTGAAT ATTTGCTTCT AATACAATGT	2820
40	CGATTTGACT GTCTTGACC AAATCTCTAA ATTGTCGAGT TAATGCATTA TCTTGATAC	2880
	GTAATTGATA ATCTCTGAAG TGCgTAACAA CATCGCCTTT CTTTgacca CTTATATAGA	2940
	CAACTGCTTG GCATACGTTT TTAAATGAAA TATGTTcGAG TTGACCATAA CCATTTTGGG	3000
45	CTAAAATGAT GAGCGTGTCC TCATGTGCAA GATGAGTTAA ATGAGGAATA ACTGCATCAA	3060
	GTTGATGTGT TTTGACTGCA ATAATAATAA CATCAAATGT GTTTGTGACA TCTTCATAAC	3120
50	CTTTCACAAC AATATCTTGT GCAGGTGCAT GTGGTACAGT ATAATATGTT ATTGTTTTGG	3180
	CGTGTCTCCC GATAAGCGTT GTATGAGGCA ATGATTGTTG TAATTCATAG GCAATAGTTG	3240

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 425:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 425:

```

AGAACGAACC TTTAATACGT ACGTGTGAC CACGAAGTGT CATGACAAAT TGATAAAACG      60
AATAGTTTTT CATTAGTTCA TTGTCACATC AATCACTTTT GTKTCACCTT TAATCACAGC      120
ATTTTCATCA TAAATATTAA TTGAAGCTGC TTGATCAGTG TTAGTAATTA TAATTGGTGA      180
AATTACAGAT TTAGCGTAT TATTAATATA TTCAAGGTTG AATCTTACTA ATGGATCTCC      240
GACGTAACT TCGTCAACCAC TAGACACTAA CACTTCAAAT CCTTCACCGT CTAATTGAAC      300
TGTGTCTAAA CCGATATGAA CTAATAATTC TAATCCGTTA TCTGCTTTTA ACCCAATCGC      360
ATGCTTAGTT GGAAAGACAT TGTCAACACG TCCTGCAATT GGAGACACAA CTCTCCTTC      420
AGTTGGATTA ATACCAAAC CTTGCGCCAT CATTTTTTGT GCGAATACAG GATCTGGAAT      480
ATCTTCAATT TTCACGAATT CTCCAGTTAA TGGTGCATAA ATTGCGATAT CTTTCTGAAC      540
TCTTTGCCT TTTCCGAATA ATTTTTTAAA CATACTTCC ACTCCTACTT ATCAAAATGT      600
GATATTAAAT CGCCATAACC CAATTCTTCT AACTTTTCAT ATGGAATAAA TTGAATTGCA      660
GCGGAATTGA TACAGTATCT TAAGCCGCCA CTTTCTTTAG GTCCATCATT AAAGACATGT      720
CCTAAATGAC TATTTGATTC TTCTGAACGC ACTTCAGTTC TCAACATACC AAATGATTTG      780
TCGACTAATT CTATAA                                     796

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 426:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3393 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 426:

```

ATCCAGCAAA TCTTTCTTAT CACGTTCTGT AATTTTCTTA GTATCCATCT TGATTAGCTT      60
TGATAACTTT TCAGCCGTAT CCAACATTTT CGATTGTGTT GTTTTTCGAC CCCTAGTATA      120
TGTAATAGCC ATTTTAGAAG CATTATCAAC TAAAACTTTC CCATTTCTGT CTAAAATACG      180

```

EP 0 786 519 A2

	ATGTGAGCCT TGTGCGATTT GTAAATAACC TAAACGTAGT ACTAGTACTG CAAAAATAAA	300
	TACAATCACA CCAAATATAA AGTTAATTCT CTTGTTAATT GTATTTTGAA CGATTTTCATC	360
5	ATTTGATTTT TCTTTTAGTC TTTTAAACAA AACTACCTAC CTCTATTCAA AGTCTTTCAC	420
	TTTAAATCAT ATATGAATTT AGAAATTATT TCTATCTTTT TGACAAAAAA ATAACGGTCT	480
	CATTLAAGAG ACCGAACAAG TAATCATACT TTATTTTGTT GCATTATATA ATTCTGCAAC	540
10	TTTTTCCCAG TTAACATCAT TCCAAAATGC GCCAATGTAG TCAGGGCGTT TGTTTTGATA	600
	TTTAGGTAA TAAGCGTGT CCCATACGTC TAAACCTAAA ATAGGTGTTT TACCCTCAGT	660
	TAATGGATTA TCTTGGTTTG GTGTAGTCAC AATTTCTAAC TGGCCATTGT TTACGACTAA	720
15	CCAAGCCCAA CCTGAACCAA AGCGTGCAGC TGCTTTGTCA GCAAATTCCT TTTTAAATTC	780
	TTCTAAAGAA CCCCATTGTT CTTTAATTTT TTCTACTACA GTACCTTTTT CTTCTGAGTT	840
	TGGTGAAAGT AACTCCCAGA ATAATGAATG GTTTAAATGT CCACCGCCAT TATTACGTAC	900
20	AGCAGTTTGG ATGTTAGCTG GTACACTGTC TAAATTAGCA ACAATTTCTT CAATAGATTT	960
	AGATTCTAAA TCTGTACCTT CTACTGCAGC ATTTAATTTT GTAACATACG TGTATGATG	1020
	TCTGTCATGG TGAATTTCCA TAGTTTCTTT GTCAAAATGT GGTTCCTAATG CATCAAATGC	1080
25	GTATGGTAAT TTTGGTAATT CAAAAGCCAT AAATAATCAT CCTCCTAAAA TGTCTGTAAG	1140
	TAAATAATAA CAAGCAGTGA CTGGTTCAAC AAAGAATTTG CTAAATTCCT ACTACTTATT	1200
	ATTTTCTCTA CTCATTTAAT ATAACCTCAA TCAAAAATAA TTAAACATTT TGTATATAAA	1260
30	AAGTTAACAG ATTTGCCATA AAATCATACG AACGGAGTAT GAAATGAACC TTTATCTTCT	1320
	ATAATTTAAA AAATGAGATT TATGCATACA TCGGACCAAA TGTGCATAAA TCTCATTTCT	1380
35	TTATATTAAT CTGGCAAGA CTCACATACA CCATAAACTT CAAGTTTGTG TTTGTGAATA	1440
	TTAACACCAG GTAGTGATAA TTTTATCTGA TCTATTGGAC AATAATCTAT TACCTTTGTA	1500
	TCTCCACACT TTTCACAGAT AAAATGATGA TGATGATGGT TTGTACAAGC GATTCTAAAC	1560
40	TTCATTTTAC CATCAAGTTC TGTATTTTCA ATAATTCCTA AATCTTTAAA TAAGTGCAGG	1620
	TTTCTATATA TTGTGTCGAA TGAAATTCCTA GGATAATTTT CATCCATAAC TTGTTGTATA	1680
	TACTTTGCGT TTATATACTT ATCTTCTTCG ACAAAAATAT CTAACATATC TTTACGTTTA	1740
45	TCTGTATATT TTAAACCGTT CTCTTTTAAA ATTTTAATAG CATCATTTGT ATTCATTGAT	1800
	ATTAGCTCCC TTTTAAACT TCATTGCGAT TTTCTGATAA GCCATTGTAA TCATAAGTAA	1860
	AATAACAAGT AGAACTACAA TTACACCACC CGGAGAAATG TCCATATAGA AAGCTAGGAC	1920
50	TAAGCCTAAT ATTACTGATA ATTCACCTAA AAATACACTT AGTAATATCA ATTGCTTAAA	1980

55

TATCCCTACA ACACGCATTG AGGCAGAAAT AACCATCGCT ACAATAACAA TAAATAAAAA 2100  
 TTGAATCCAT TTAGGAATGC CAATGACTTT ACTATATTCC TCATCAAATG ACAATATAAA 2160  
 5 TAATTCTTTA TAAAACAATG TAATAAACAG AACAACTATG ATGGCAATGA CAATAATCGT 2220  
 TGTAAATCA CTTATATTCA CTGCGCTTAT TGAGCCAAAT AGCAATCCAA CAATTTCTTG 2280  
 ATTGAACCCA TCAGCTAATG AAATGAAGAT TGCACCTAAG GCGATACCAG CACTCATTAT 2340  
 10 AATTGGAATA GCAATTTCTT GGTAAGCAGT GTATGACGTT CTTAATTTTT CAATTAGAAG 2400  
 CGCACCTACT ATTGCGAATA AGATTCCAAA CCACATTGGA TTAATAAATA CTAGTGTGTTG 2460  
 CATAATAGTA AGTAAAAACA TACCGAAAGA TATACCACCT AAAGTTACAT GACTTAGAGC 2520  
 15 ATCAGCTWTA AGTGATAGTC GTCTAACAAc GATAAAAGCA CCGaTTAGAG GCGCAATAAA 2580  
 ACCTAtCAAG ATAcCACTAA TTAAAGAGTA CCTCATAAAA TCAAAATTCA ATAATGCATC 2640  
 TATCAATTGT GACACGCCTT TCCATTTTAA ATAAACTCAA ATCTTTATTA ATTACAACAT 2700  
 20 TCTCGATTAT GCTGATGATC GACAAAACGT ACAGGATGTC CATAAATTTT TGAAATTTCA 2760  
 ACTTCATCAA GTGATTTAAA CTCATCAGTT GTACCATGGA AATGCAAATG CTTATTTAAA 2820  
 CATGCTACTT CAGTAGCAGT ATCTGCTACA ACACCGATAT CATGAGTAAC TAAGATAATG 2880  
 25 GTGATACCTT CTTGTTTTAA TTGATCTAAA GTATTATAAA ATTCACTTAC ATGTTTTGCA 2940  
 TCAATACCAT TCGTTGGTTC ATCAAGTACT AATACTGcAG GTTCTGAAAT CAATGCTCGA 3000  
 GCAATCAITa CACGTTGTG TTGACCACCT GATAATTCTG CTATATTTTT ATGAATTAAA 3060  
 30 TCACITTATAT TCAGTCTTTC TAGTACTTTA ATCACTTTTT CATTATCTTT GCTATTAAAT 3120  
 GTTTGGA AAA GACGTTTTGT CTTTGTTAAT CCGCTTAAAA CAACTTCTTT AACACTTGCT 3180  
 35 GGGAAACCTG AATTAAAGGC ATTTGCTTTT TGTGATACAT AGCTTAATTT AATTGATGTT 3240  
 TcTTATTTTT AAAATCAATA CCTTCAACAA AAATCTCACC ACTTTGTAAA GGTAATAACC 3300  
 CTAGAATCAA CTTCAATAAT GkTGATTTAC CAGCACCATT TGGkCCAACA AWTGCLAAAA 3360  
 40 ATTCACCTTT ATTTATTTTG AATGnnnTAT ATT 3393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 427:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1123 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 427:

EP 0 786 519 A2

5 CCCTGTTTCT TAGCCTTTTC GTATATGCGT TCATAAGAAG AATTCTTTTT GATTTTCAGAT 120  
 TGTAAGCAC TGTTTTCACT TGATTGTTTA TCTATTTTAT AATCTAAATC TGCAATCTTT 180  
 CCTCGCGTAT CATACGCATC CATTTTTAAA GATAGCATAT AAATACTTAA CATAGCAATT 240  
 ACAGTAATCA AAGTTATGTA TAAAACTTTT TCAAATTTAG TTAATTGTAC AACCACCTTT 300  
 CTCGAAACAG TCTTCTTTTC GGGCTTAGTT TGTGGTTGTT GCTTCGGTAT ACTATTATAA 360  
 10 ACTTGTTCGT CATATGGTTG GTACACTTTT TCTACAGCCA TTATAAATTG CTCCTTATTT 420  
 AAGTATTTCA GCTACACGTA ATTCGCGCT TCGTGCTCTG TTATTGTCTAT CTAAATCTTC 480  
 TTCTGTAGCG GTAATCGGTT TACGATTAAAC ACGCTTTAAC TTAGGTGTAT ATGCTTCTGG 540  
 15 TATAACTGGT AATCCTCTTG GTACCTCTGG ACCTTTTTCA TATTCTTGGA ACACCTGTTT 600  
 ACATAAACGA TCTTCTAAAG AATGGAAAGT GATTACCGAA ATCCTGCCAT CTACTTTTCA 660  
 20 TAATTCAATC GCTTGTCTA TTGAATCTTC AAAAGCTGAC AATTCATCGT TTAGTGCAAT 720  
 TCGTAGTGCT TGAAATACTC GTTTTGCAGG ATGTCCGCCT TTTCTTCTTG CTTTTCAGG 780  
 AATACCTTCT TTTATAATGT CAACTAATTC TAATGTTGTT GTTATTGGTT GTTGTTTCGG 840  
 25 ATGTGCTTCG ATTCCTCGAG CTATCTGTTT TGAAAATTTT TCCTCGCCAT AGCGATAAAA 900  
 AATCTTCACT AACGCTTCAT ATGACCAATT GTTAACAATT TCATATGCTG TTAGTCTCTG 960  
 TGTTTGGTCC ATACGCATGT CTAATGTTGC GTCATGGTGA TAACTGAATC CTCGTTCTGG 1020  
 30 AATGTCGAGT TGTGGGCTTG AAACACCCAA GTCGTAATAA ATTCCATCTA CTTTTTCAAT 1080  
 GTTTAAGTCT TTTAATATTT GAGTTAATTC ACGGAAGTTG CTA 1123

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 428:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 838 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 428:

45 TATATCCTCC AnACCATAAA AATGGAATTA TAGTGAAGAC CGCTATGATC CAGGATGACC 60  
 ACGTATTATA GAATCTTTCg ATAGAGAAAC GAATCaACGT ATCCgACATC aCGAAATGAA 120  
 ATTAGAAGAT TATAAAGATG AGTTAAGAAG AGAATATCTA AAACAATCTG ACAGAATTGA 180  
 50 AGGAGATGAA TAAGCGTGGG ACTTGATTTT AGTGGTTTAC CAGATTTAGC AGTATTGGAA 240  
 CAAATGAAGG AAAAAGAACA GATTAGTGAG GTTATTGCGC CTGAACATGT TCGTATGCAT 300

	CATTTCAAAA AATTGAAGA TGATTTTAAA AATGCGGCAC AAGGGGCTTG GGTGAAAAAT	420
	GCCACAGACG AATTAAAAGA TATTAGTAAT GATTTAGAAA AAATTCAAGA TATTAAAGTA	480
5	TAAAAAGGTA TTAAGAAACA CAATAAGTAT ATAATCCATT TAATAATAAA TGAATTATAT	540
	AGTTCATAAT TTCGACTATA AGTGGCTATT AGCCATTATT TTTCGGGATC TATGTCAAAT	600
	CGGACTAATG AATTCAATAA TGGAAGTTAA GCAACCAATC TTTGTTTAAC TTCTTTTTTA	660
10	TTTTTTGGAA AATAAAGTTT TGAACATAAT AAAATTTGAT TATGTTTAA CGAATTTTGA	720
	TGTTTCTTGA ACTATATATC ATCTAGTCGT CATTTACAAT TGGTAAATAT GACTTCAAAC	780
15	TGkATGAAGG TGATGGCGAT TAAAAGGCTC ATCCGTAGGT TCTAAAGAAC TAGAnTTT	838

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 429:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1150 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 429:

	nGTGTTCAAAA TAATAGAATG GCTAATACCC CAACAATAAA TAGGAATAAA TATGTTGATG	60
	TCGTAATTTT AGTAAATAAT GAAAATCTAA AATTAGTAAC CCTATTTTGA ATATAAGCTT	120
30	TAACTTCTAA TAATACTGGG AAGCCGATTG ATCCTAAAAT TATTAAAAAT ATAACATCG	180
	CTTGTACAAA ATAATCATGT GCATAAGGAA TTAATGACTT ACCTGTAATA TCTAATCCAC	240
35	CATTGGTAGT GGCAGAAATA GAAACAAAAA CACCTTGCAT GATTGCATAT TTTAAATCTG	300
	GATTATCTCG ATAAAAGTAA AATGCTAATA ACATGGCTCC TACGAGTTCG ATTACAAATA	360
	TTGATTTTAC AATATCAATA ATCAATTTGA CGGTACCACT CATTGTGTTT TTGTTATTAT	420
40	CTAACATAAT TAACTGACGT TCTCTAATTC CAATATGTTT ACCTAGTACC ACCCATAACA	480
	TCGTACCAAT TGCCATGACG CCAATTCCAC CAATATTTAA TATCACGAGG ATAATTAATT	540
	GTCCAAATGT AGAATAGGTA TCGACAATAC TTATCGGAGA CAATCCAGTA AACTAATTC	600
45	CGGATACGGC AACAAATAAT GTGTCAATTG GATTTACTTC TACACCTGGT TTATGaACAT	660
	ACGGTAAGTT TAATAATAAA AATGCAATGA CAATTGCGAC GATATAGTAC AATACAATAC	720
50	CTTGTTGAGG GCTTGATCTT TTTAAAAACT GGCTAAAAAT TGACACGTTG TTCACCTCAA	780
	CATTATTTTA GTTTAATATT AATTTCTTTC TCTTTACCAT CTCTATAAAT CTTGCTGTGA	840
55	ATTGATTTCa AGTCATCTTT ATGACTAAAT ATAATCTGCC TAAAGCGTAA ATCATCTTCT	900

AAACCATTGT TGTCAACTTG ATCTACAACA ACACCGTTCT TAACTTTTCC TGGCAATTTA 1020  
 ACTGCTTGTC TTCAAACT ATTTAGACTG ACAATATTCT TCATTTTAAC ACCTACATCG 1080  
 5 GGATAGTCAA TTTTACCTTT tGTTTCTAAA TCTTTTACAA TCTTTtGTAC TTCATTAAaCA 1140  
 GGtATTGCAA 1150

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 430:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 797 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 430:

20 AAGAATATTT AGGATTTTAT GTTTCGCAAC ACCCAGTAGA TAAAAAGTTT GTTGCCAAAC 60  
 AATATTTAAC GATATTTAAA TTGAGTAACG CGCAGAATTA TAAACCTATA TTAGTACAGT 120  
 TTGATAAAGT TAAACAAATT CGAACTAAAA ATGGTCAAAA TATGGCATTG GTCACATTAA 180  
 25 ATGATGGCAT TGAACTTTA GATGGTGTGA TTTTCCCTAA TCAGTTTAAA AAGTACGAAG 240  
 AGTTGTTATC ACATAATGAC TTGTTTATAG TTAGCGGGA ATTGACCAT AGAAAGCAAC 300  
 AACGTCAACT AATTATAAAT GAGATTCAGA CATTAGCCAC TTTGAAGAA CAAAAATTAG 360  
 30 CATTGCCAA ACAAAATTATA ATTAGAAATA AATCACAAT AGATATGTTT GAAGAGATGA 420  
 TTAAAGCTAC GAAAGAGAAT GCTAATGATG TTGTGTTATC CTTTATGAT GAAACGATTA 480  
 AACAAATGAC TACTTTAGGC TATATTAATC AAAAAGATAG TATGTTTAAT AATTTTATAC 540  
 35 AATCCTTTAA CCCTAGTGAT ATTAGGCTTA TATACTTTy ATCAACTAAT AAATTATGAT 600  
 ATAGTAAACT GATGGTTAGA TATTTyTAA CCATCAGTTT GCGTktATAT TAGTTTTTTA 660  
 40 TGCTTATTAT TTTTATGAGT TTCACTTTAC ATTATTGATT AATCCATAAG AATAATTAGC 720  
 ACAAAAAGCA GTATACATAA ATTGAGTAAA GAATTTTGTC GATATAACCG nGCGGAAAAA 780  
 TAATAACnTT TTGGATn 797

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 431:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1466 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

TTTCCAAGAG AAGTTGCGGA AGTAATTAAT AAAACGCATC ATAATAAATT GGTCAATTCG 60  
 ATGATTTTCGk CACAAATCGA TGCGGATAGA ATGGATTATT TACAACGTGA TGCGTATTTTC 120  
 5 ACAGGTGTAT CATATGGTGC TTTTGATATG GAGCGTATTT TAAGATTAAT GCGACCTTCT 180  
 AAAGATGAAG TACTAATCAA AGAAAGTGGT ATGCATGCAG TTGAAAACCTT TATTATGAGT 240  
 CGTTATCAAA TGTATTGGCA AATTTACTTC CACCCAGTTA GTCGTGGTGG AGAAGTGCTG 300  
 10 CTTAATAAATT GtTTGAAACG CGCAAAACAG CTTTATAATG AAGGCTATGA ATTTAAGTTG 360  
 CATCCACATG ATTTTATTCC ATTTTTTTGAA GAGACAGTTA CGATTGAACA ATATGTTGAA 420  
 CTCGATGAAG CGGTAGTTAC GTATTATTTG GAAAAATGGA CAAAAGAAGA TGATGCTATT 480  
 15 TTAAGTGATT TAGCAAGTCG ATTTATTAAT CGAGACTTAT TTAAATATAT TCCATTTGAT 540  
 GGCTCAATTA TTACAATATC AGAACTGCAA GAACTGTTTG AAGCAGGTGG TATTAATCCA 600  
 20 GATTATTATT TTGTGAGTGA AGCATTTTCT GATTTGCCAT ATGACTATGA TCGACCGGGG 660  
 TCAAATCGCA AACCGATTCA TTTATTAAGA CAAGATGGTA CGATTAGAGA AATAAGCAAT 720  
 CAATCATTAG TCATTCATAG TATTACAGGC ATTAATCGCC AAGACTATAA ATTATATTAT 780  
 25 CCTAGAGAAA TGGTTGCAA GATTAAAGAT AAGACAATTA GAGAAGCTAT TGAAAATTTG 840  
 ATTAATGAGC TTAATTAAAC AGGGCTAAAA TTGTTATCGT TAAATATGGA GGTATATCA 900  
 TTGTCTGAGA AAAAAGGCTT TAATTTTAAT ATCATAAAAA ATGACCCTCT AGATGGTCAT 960  
 30 AAAGGTACAA ATATTGGTTC AATTAGCTTA GACAATATTG CACCAGTTTT TATCGATGTT 1020  
 GCTAACAAAG AAGCATTTAT TGATATTGGA GGCATGCATG CTCGTGCCAA AGTTGAAAAA 1080  
 35 GGTGTGAAAT GGATTACTGA TAAAGCTGCT GTTGAAGGCG ATGAAGCTAA AGaATATTGG 1140  
 TTGTGTTGGG TAACAACAGA ACGTAATGAA CAAGGACCAT ATTACGCTGG TTTAACAGCG 1200  
 TGCTATTTAT TAGTGAATAA AGCAATTCGT CGTGTTATA AAAGTATGCC TGAACATGTT 1260  
 40 AATATGATGG ATAAATCAAT GAAACATCAT ATTATCATAG ATCAAATTGG TGACGAGAAT 1320  
 AAAGCTATTT TAAAAGACTT TTTAATGAAC CATGATGAAG GTATGTGGAA GCATTCTTCT 1380  
 GATGCTTTAC ATCAAGCATT TAATTAAATA TTAGAACTA AAATTTCCCA ATTAATCTAT 1440  
 45 AAAGATATGA TTCATTTCTC AATGAC 1466

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 432:

## (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2304 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear



(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 432:

	TTGTACGAAT ACAAAGTTGC ATTAATATAG AATCATTTAT GCTTTTAAAT ATCACAAAAC	60
5	AAATTGATTA AACTAGCTAA AATAGTCAAA ATTGGAATCA AGATTACATA AATATCATAA	120
	CCTCTAGATA TTAGTATACA TAATATAATT AGCGACCCTA TTATAATTGC TAAATTATAA	180
	GCCAAACTAA TTTTATATTT CATTTCAATT CCCACCTTAA TAGCATTAT TAAAATTCTA	240
10	TAATGTTTAC ATAGACTTCT TAACAACTT TAACCCAGCT AAGCTAAGTA TTGAAATAAT	300
	TACACCTCCT AATATAAATA TATTACTTAA GCTTAGTAAA GGTATAATTA TACTTATCAG	360
15	TCCTAAGAC AATGTATCCG CTGcATAATT CGaTgTAGAT GAGATACTAA ATACTTTCCC	420
	CATCAAATGA TTTGGCGTTT TTATTTGAAT GGCAACTGAT CTTGTTAGTC CCTCTATAGA	480
	TTGTCCAAGT CCCAATAATG TGCACCTAT ATATAATATC GCCACACTTG GAAACACATT	540
20	AATAATCGAT AAGCCAATTC CCCAACTAA AACACCAATA CTAAATTTAA AGATTAATCG	600
	CTTTTCTGAC AGCAAACCCA TAATCAATGA CATTAAATAA GATGCTATAC CTAAACATGA	660
	TGTAGCTAGT CCATATACAC CAACGCCCTC TTTTAATATA TTGGAAATAA ACAATGGTAA	720
25	TACAACACGC CAAAGGCCAG TATTAATCAA TATGCAGGCA AATTGGATGA TTATAATAAA	780
	TGGAA'TTCT TTAGATTGTT TCAAGAATTC CCAAGTTTCA GAAAAATCTT CTTTGTAGTG	840
30	TCTATCAATC ATGTTGTTAT TTGTATATTT TAAAAGTGCA TTAAAAATAA ATCCTAAAAA	900
	TAGCAATATA CTACAAATAA AAAAGACGCC AACATTACCA ACTAGTATTA CAATGACACC	960
	AATTAAAGCA GGTAAATAA TATTTGAGCC TCTTTGCAA CTATCGATTA ACGCATTACT	1020
35	TGTTGCTAAA TGCTCCTCAT CAATAATTTT AGGAAGAATT GCCCTAAACG CAGGATCCGT	1080
	ATAGCAGTTA ATAATGGTGA TAGCTGTAGA TATGGTTAGA AGCGTCAGAT AATTTAAATT	1140
	TGATGTTATT GCAAGTAAAG GAATAATTAT TATAATCAAA CTTAGTATAA GATCAGATAG	1200
40	ATAAAGTATT TTCTTTTAT TATGTTTATC AGAATATGCG CCACCGAAAA TACCAATAT	1260
	AATAAATGGA AGTGTGTTGAC TCATAACCAT CATTGATAAT TTTAAAGATG ATTGGTTTGT	1320
45	CAATTCAACA GTAAACCAAA TTATTTGTAA CGAAAACAGC ACAAAACAAC TCCGACGTAA	1380
	GAATTACCA ATCAATAAAT ATGTAAAGTT TCTATTTTTC AAAACTTCTA AATACAACAT	1440
	ATTTATCACC TCTCATAAAA ATAATTGAAT GCATCCACCA GCTTTTITAG ACCTTCTTCT	1500
50	AAACTCTCTT TATCCAAAGC GCAATTAATT CTAATATAAT TTAGTCAGTT AAATATCAAT	1560
	TATTTGAAA TATACATACT ACTTGAAACA CCATACATAA CCCCCAAAAT GACTACTCAG	1620
55	AGGTTATATT CTACTAATTA TGATTATATT AAATATGAAA ATATTATCAA AAAATCAAA	1680

TCATTCTCAT CATATTCTAG GTTGTTTTTA ACAAACTAAA TATAGTGAAT GCAAATCAAC 1800  
TATTATTTAA ATTATGAATT ATTTTAATTC TTTCTTCTAC GAGCCAATAA CATTAAATCCA 1860  
5 GCAATTCCAA TTATACTACT AAAGATCAAA CCTTTTTGCG TGCTTTCTAA ACCTGTTTTT 1920  
GGTAATTCTG CTCGTTTTTT CTCTTGATTA GCTACTGATT CTTTAGCAAT TTTAGATTTT 1980  
TTAACTTTAT CATTTTTATC CATTGAATGA ACTGGGCCAT TTGGTTTTGC TCTGTCTTTC 2040  
10 GATAATCCTG GATTGTTAGG ATTTACTGGG CCACTTGGAT GAGTTGGTCT GCTCGGCTTC 2100  
TCTGGGTTTT CAGGTCCTTT TGGATCTTTT GGTTCCTCTC CACCGAACTC TACAATCTTA 2160  
TCTACTGGTT GTTTtGTGAT CTCTTCTGTT GGTTGACCCT CGCCAACCTT TTCACCTGTT 2220  
15 AATGGGktCA CTGTGAWTGG TGktGTGAWT GTCyTACTTC CTGGktGTCC TTCTTGTtTC 2280  
ACTCGCTCTT CACCAGGTTG TAAT 2304

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 433:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 4733 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
25 (C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 433:

30 GTCTTAATAT TTTACAAGAT ACAGCCTGAC AATATTTATA TTACAAACCA ATATGGTAAA 60  
GAGGCTGTGT CTCGATTAAA AAGAATTTTA GAGCAAAGTA TACCTAATAA AGAATATATT 120  
35 GATTTATCAG AGATATCATT AATTACATTT TTTAAACCAG AATATAATAA ACAACATGTG 180  
AATGAGGAGT TTAATTCtTT ATCTTCTTCG AAAATAAAGA ATTTAGCCAA AGAAAATGAT 240  
GGTATTATTA TTTATTTAAA TTTAAGGAT GTTAATTATC AACTGaTAaG TGAAGGCAAT 300  
40 ACTTTTTTTT CTGCAAAACC ATATTTGCAT TGTGTGTTCA ATAAAGATAT TTTAAATATG 360  
GATAAAGTTG ATATAGAAAA TTTTTTCAAA AGTATAGAAG TCAAATACAG TAAATAAGAT 420  
CAATTATTGA ATCCACCGAC CAGCAGATTT TTTTAAAAA TTAATACCCC GTTAATACCC 480  
45 TTTGCTTCAA TTTGATGAAA ATCAATGAAA TTCAAATTG AAGAAATCCT TTAATATCAA 540  
GGTGTAAGAC AGTCTATATA ATCATGCGAA ATTCTAAAAT TTTctGAcGT AAAAAACAA 600  
ATTCyTAAAG CAGCTCGTCG TTCACCTCAA TTCTCAAAAC GTTAATTGTC GGACGATATA 660  
50 TATACAAAAC ACCTCGATGT TATGTCGAGG TGTTTTTTTG CGTTTGTGTG GGGAATATGG 720  
AATAGAGTAT AAATGAATTA ATGTCTCAGG TATAGAATTA ATTCAACTAT GAATTATTGA 780

55

## EP 0 786 519 A2

	TTAGCTTGCG	GAGACCGTAC	GATAGTGTTT	TAATAATAGA	TATTCAAGGG	AAAGAGCTAT	900
	CGGATGATAA	CCAGATGATA	ACTCAAGAAC	CATGrTTTAA	GAGTGTTATC	AAAATAAGGA	960
5	GTGACTTAAT	TGAAAGATTG	TATATTTTGG	AAGAAAGCTT	TTATTyCTGT	TTATTTTATT	1020
	GTTGsGATGC	TGGTGTTTCT	ACTTTTTTAGG	TTTTATATTA	AaACAGATAA	CTTTTCTATA	1080
	TATTTAATGA	GTATCTTCTT	AATTTGTTTA	GGAAGTCTT	CTATCATTTA	TAAGTATAAA	1140
10	ACCAATCGAT	AAATATAAGT	ATGAAATGTA	TAAGTCACAG	TTAGATCTAA	GTCTTGCTGT	1200
	GGCTTTTTAT	ATCTCCATAA	AACGACAAAT	TCAAGCCCGA	CATAAAACAG	CATTTTCAGC	1260
15	CCACCATAAA	ACGACAATTT	CAGCCCGCCA	TTGACTAAAC	ACCACATCCC	AAAAATATCG	1320
	TAACAATCCT	CTACATCAAT	CAATCCAACA	TCCCTCATAA	TCACAACGCA	CAAAATCTAT	1380
	TCATGCATTT	TTGGAATACT	TAGTATTACA	AATAACGATT	TTTATTCATC	TAACAAAGGT	1440
20	TATATAATGT	ACTGAAGGCA	ATTTTATATG	ATTACAAATC	TAATCGTACA	TGTAAAATTT	1500
	TGATAAACAT	CATTAATTTT	GCGTAACTAT	CATTAGATTA	CAAATCACAA	AGTAATTACA	1560
	TGTAATACAC	ATCTATACAT	CACATTTGAA	GGGAAATGaa	TATAAATGAC	TGATAAAAAG	1620
25	TACACTGCAG	CCGATATGGT	TATTGATACT	TTGAAAAATA	ATGGGGTAGA	ATATGTTTTT	1680
	GGTATTCCGG	GTGCAAAGAT	TGACTATCTA	TTTAATGCTT	TAATTGATGA	TGGTCCTGAA	1740
30	CTTATTGTCA	CTCGTCATGA	ACAAAACGCC	GCAATGATGG	CGCAAGGTAT	TGGAAGATTA	1800
	ACAGGCAAAC	CGGGTG TAGT	ACTTGTTACA	AGTGGTCCTG	GTGTAAGTAA	TTTAACTACT	1860
	GGATTATTAA	CCGCAACATC	TGAAGGGGAT	CCTGTATTAG	CGTTAGGTGG	CCAAGTGAAa	1920
35	CGnAnATGAT	TTATTACGAT	TAACGCATCA	AAGTATTGAT	AATGCTGCGC	TATTAAAATA	1980
	TTCATCAAAA	TATAGTGAAG	AAGTACAAGA	TCCTGAATCA	TTATCAGAAG	TTATGACAAA	2040
	TGCAATTTCGA	ATTGCTACTT	CAGGAAAAAA	TGGCGCAAGT	TTTATTAGTA	TTCCGCAAGA	2100
40	CGTTATTTCT	TCACCAGTTG	AATCTAAAGC	TATATCACTT	TGCCAAAAAA	CAAATTTAGG	2160
	AGTACCGAGT	GAACAAGATA	TTAATGATGT	CATTGAAGCG	ATTAAAAATG	CATCATTTCC	2220
	TGTTTTTATTA	GCTGGTATGA	GAAGTTCAAG	TGCAGAAGAA	ACAAATGCCA	TTGCGCAAATT	2280
45	AGTTGAGCGC	ACGAATTTAC	CAGTTGTAGA	AACATTCCAA	GGTGCAGGTG	TAATTAGTCG	2340
	TGAATTAGAA	AATCATTTCT	TCGGTCGTGT	GGGCTTATTC	CGCAATCAAG	TTGGTGATGA	2400
50	ATTATTACGT	AAAAGTGATT	TAGTTGTTAC	AATCGGTTAT	GATCCAATTG	AATACGAAGC	2460
	TAGTAACTGG	AATAAAGAAT	TAGAAACACA	AATTATCAAT	ATTGACGAGT	TCAAGCTGAA	2520
	ATTACTAATT	ATATGCAACC	GAAAAAAGAG	TTGATTGGTA	ATATTGCTAA	AACGATTGAA	2580

55

## EP 0 786 519 A2

	CAATTAAGAA CACATATTGA TGAAGAACT GGTATTAAAG CGACGCATGA AGAAGGAATT	2700
	CTACATCCAG TGGAAATTAT TGAATCTATG CAAAAGGTAT TAACTGATGA TACTACTGTA	2760
5	ACAGTTGATG TTGGAAGTCA CTATATTTGG ATGGCACGTA ATTTCAGAAG TTACAATCCA	2820
	AGACATTTAT TATTTAGCAA TGGTATGCAA ACGCTTGGTG TAGCATTACC GTGGGCAATT	2880
	TCAGCTGCAC TTGTGCGCCC TAATACGCAA GTTGTGTCCG TTGCTGGCGA TGGTGGCTTT	2940
10	TTATTTTCAT CACAAGATTT AGAAACGGCC GTACGTAAAA ATTTAAATAT CATCCAGCTT	3000
	ATTTGGAATG ATGGAAAATA TAACATGGTT GAATTCCAAG AAGAAATGAA ATATAAACGT	3060
15	TCGTCAGGTG TAGACTTCGG TCCTGTAGAT TTTGTAAAAT ATGCAGAATC ATTTGGCGCG	3120
	AAAGGTTTAC GAGTTACTAA TCAAGAAGAA TTAGAAGCGG CAATTAAAGA GGGCTATGAA	3180
	ACAGATGGTC CAGTATTAAT TGATATACCT GTAAATTACA AAGATAATAT CAACTTTTCA	3240
20	ACAAATATGT TACCTGACGT ATTTAACTAA AATAAAGATA AATGTTAAAG AGGAGTGGGA	3300
	GATTTTATGA CTAATGTTTT ATACCAACAT GGTACATTAG GCACATTAAT GGCAGGATTA	3360
	TTAAAAGGAA CTGCATCAAT AAATGAATTA TTGCAACATG GTGACTTAGG TATCGCTACA	3420
25	CTAACAGGTT CAAACGGTGA GGTAATCTTT TTAGATGGAA AAGCTTACCA TGCAAATGAA	3480
	CATAAAGAAT TTGTAGAATT AAAAGGTGAC GAGTTAACAC CATATGCAAC TGTAActAAA	3540
	TTTGTAGCAG ATACAAGCTA TGAAACGAAA GATAAATCTT CAGAAGCAGT TTTTGCAGAA	3600
30	ATTAAGGAAA AGATGTTGAG TGAAAATTTA TTTTCAGCAG TAAAAATTTT AGGCTTATTT	3660
	AAAAAATGC ATGTACGTAT GATGCCGGCT CAAGAACCAC CTTATACACG TTTAATCGAT	3720
35	TCAGCTAGAA GACAACCTGA ACAAActGAA ACGTATGTCA AAGGTTcAGT CGTTGGTTTC	3780
	TTTACACCAG AATTATTCCA TGGTATCGGA TCAGCAGGAT TTCATGTACA CTTTGCgAAT	3840
	GATGATCGTA ACTTTGGTGG ACATGTCTTA GATTTTGAAG TAGAAGATGT TAAAGTAGAA	3900
40	ATCCAAAATA TAGAAACATT TGAACAGCAT TTTCCAATTC AAGATAAAGA TTTCACTAAA	3960
	GCAAATATTG ACTATAAAGA TATTGCAGAC GAAATTAGAG AAGCTGAATA ATGAATCCAG	4020
	AAATATAATG ACGGTTTATG AAAATTGACT TCATAATGCG CGATTTAGAA ATGATAGTTT	4080
45	GTAAATATGA TTAACCATGA CTACAATAGA ACAAATATAT TTATAATTAC GTCTAAGTAA	4140
	TAAAATAAAT CCCTTCACTA TTAGCAGTAG TGAGGGGATT TATTAGGTTC CAGATATTTG	4200
50	AGATTTGCTG TTATGTTTAG ATTATAAATT GTGGTACACA CTCATATAAA ATTTACTATT	4260
	GTATAGGCCA ATCTGTTACT ACGAGAAGCA AACAACAATA ATTTACAAGT TCAATAACTA	4320
	AAAAGACAAA CGCCAATTTT TCAGCGCTTG CCCTATAAAA CTATTTTCAA ATTATTATTT	4380

55

TTTCTTTAGA TTCACTACTT TTTTATTACC ATCATTCAAA GTAAGCGTAT AAGTTGCTGT 4500  
 TTGGGCATTA TTAATTTTTT CTGTTGTAAC ACCACGTTGA GAAGCTAATT CATTTTTTAC 4560  
 5 TTTACTGTCA ATTTCTTGAT AAAGAACATT TTTATTTTCT GGGAAGATAA AGTAAGTTCTG 4620  
 ATGTAATGCA GTAATACCAT CTA CTACTGAAAT TGTGTAAGGA ACAGTGTGAT AACCATCCAC 4680  
 10 AGTCATTTCT TTATAGCCGT TATTACTATC TGCAGATGCT TCGTGACTCG GTA 4733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 434:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 434:

AATAAATGGT AATTTTATAT CATCAACGGC TACAAATGGG GCAGTTTCAT ATATAAATAA 60  
 ACACATCTAC TCAACTGnTC TTAATTAATT AATAAATGAT TTACCAGATG ACATATAACA 120  
 25 GCCATTATTA GnTTAATTCT AATAGTTTAT TTAAATTTTC TTCGGTTGTC GCCCAACTGG 180  
 TTGCGAATCT AACAACACGA TGTTGATCAT CGTATTTTTC CCAAACAGCA AATTTAACTT 240  
 30 TTTGTTCTAA CTCTGCTATT TTCTCGTTAC TTAAATAAAA AAATTGTTGA TTGGTTGGAG 300  
 AATCAAAGTA AAGACGATAG CCTTTATTTT TAAACCCGTC TTTCATCTTA TTTGCCATTT 360  
 CGATAGCATG TCTGCTTATA TTAAATATA AATTGTCCGT AAATAATTCT AAAAATTGTA 420  
 35 TGCTGTAA CCGTCCTTTT GCTAAAAGGG CACCGTGGAT GCTTGATTCTG AGTGGTAAAT 480  
 TGTTTCGGTT CATTATTTTT CGTAAAAACA ATGGCTTCCC CGCATAATGC ACCTATCTkC 540  
 GTACCACCTA TATAAAATAC ATCACAATAT TTAGCGrTGt CTTTAATAGT CATATCTGAT 600  
 40 TGGTCACTCA TCAATCCATA CCCTAATCGT GCACCATCCA TAAATAATGG AAGCTGATAT 660  
 TGCTTACATA CTTTGcATAA CTCTTCCAAT TCTGaTTTAG AGTATAATGT GCCATATTCT 720  
 GTAGGATGAG AAATATATAC CATTCCTGGG AATACCATAT GGTCCTTTTT AAAATCACTT 780  
 45 TTAAATGTCT CCATGTAAGT TTCAACATCT GAAGCACTAA CTTTTCCTTC CTTAGAGGGT 840  
 ATAGTAATTA CTTTATGTCC ACTATATTCA ATTGCACCGC CCTCATGCAC AGCAACATGA 900  
 50 CCAAGTGTCTG CTGAAATGAC CCCTTCGTAA CTTTCTAACA TTGAATTAAT AACAACCTGA 960  
 TTGGTTTGTG TTCCACCTaC TAAAAACGA ATTGTAGCAT TTGGaCAGTC AATTGTATCT 1020  
 TTAATCTTTT CAATTGCCTG AGCTGTGAAT TGaTCAAAGC CATATCCCGA AGCTTGTACA 1080

TCGAATGAAA TCACTACATT TCCCCCTAAA ACTAATATCA ACATTTTAAT AAGATAAACC 1200  
 AATTTCAAAA CTAGTTCGAT ATTTAAAATG TATTATGGAT GGnTAAAGTT TGTATCGCAT 1260  
 5 TATCGCGAAG TTGnATAAAT ATAT 1284

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 435:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1072 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 435:

ACAGCTTTTG GTAArGGAGA AAwTCAaTat GAAACAGTAT AArGCGTATT TaATCGATTT 60  
 20 AGATGGCACA ATGTATATGG GAACAGATGA GATTGATGGA GCAAnACAAT TCATCGATTA 120  
 TTTAAATGTA AAAGGCATTC CTCATTTATA CGTAACTAAT AATTCAACAA AAACACCTGA 180  
 GCAAGTAACT GAAAAATTAC GTGAAATGCA CATTGATGCT AAACCAGAAG AGGTTGTAAC 240  
 25 GTCAGCGTTA GCCACTGCTG ATTATATTTT AGAACAATCA CCAGGAGCAT CAGTATATAT 300  
 GTTAGGTGGG AGTGGTTTAA ATACTGCGTT AACCGAAGCG GGACTTGTCA TTAAAAATGA 360  
 CGAGCATGTT GATTATGTAG TTATTGGACT TGACGAACAA GTTACATATG AAAAGCTTGC 420  
 30 GATTGCAACG TTAGGTGTAA GAAATGGtGC AACATTTATT TCTACAAATC CTGATGTATC 480  
 AATTCCTAAA GAGCGTGGTT TATTACCTGG TAATGGTGCT ATTACAAGTG TTGTAAGTGT 540  
 35 ATCGACAGGT GTATCGCCAC AATTTATTGG TAAACCAGAA CCGATTATTA TGGTTAAAGC 600  
 ATTAGAAATT TTAGGATTAG ATAAATCCGA AGTTGCTATG GTAGGCGATT TGTACGATAC 660  
 CGATATTATG TCTGGTATTA ACGTAGGTAT GGATACGATT CATGTACAAA CAGGTGTATC 720  
 40 TACGTTAGAA GATGTGCAAA ATAAAAATGT GCCACCAACG TATTCITTTA AAGATTTAAA 780  
 TGAAGCAATA GCTGAATTAG AAAAATAGAT ATAGTCATTT TATAAAGTAG GTGAATTGAT 840  
 TTGGTAAAAA TAGTTGTTTC GAGGAAAATT CCAGATAAAT TTTATCAACA ATTAAGTAAA 900  
 45 CTTGGTGACG TTGTTATGTG GCAAAAATCA TTAGTGCCTA TGCCTAAAGA TCAATTTGTG 960  
 ACaGcCtTCG TGACGCAGAT GCTTGTTTTA TTACATTAAG TGAACAGATC GATGCAGAAA 1020  
 50 TTTTAGCGCA ATCACCAAAT TAAAAGTAA TTGCGAATAT GGCTGTAGGA TA 1072

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 436:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3271 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 436:

	TAAAACTTA CTTTAACACC ATTCCTTTTT AACTTTTTTC GTGTTTCnTT TnCTTAAGTC	60
10	CATCCATATT TTTAATGATG TCATCTGCTG TTTTATCTTT TAAATCTAAC ACTGaGTGAT	120
	AmCGAATTTG TAGCACAGGA TCAAATCCTT TATGGAATCC AGTATGTTCA AATCCTAAGT	180
	TACTCATTTT ATCAAAGAAC CAATCATTAC CAGCATTACC TGTAATCTCG CCATCATGAT	240
15	TCAAGTATTG ATATGGTAAA TATGGATCGA TATGTAGGTA TAGACAACGA TGTTTTTTAA	300
	CATATTTTGA TAATTCATTA AAGAAAAAGT GTACGAGTTC TTGATTTTCA TAATCAATCA	360
	CTGGACCGCG ATTTGAATAA AAATACTTGA ACACTTTTCAT AACAGGTACA GCAGTAAGTA	420
20	AGCAAGCTGC AATGACCTCG TTATTATTGT TTTTATTCC CACTAAATGT GTTTCATAAC	480
	CTTCAGCAAG CTTTAACTCA TAGTGGCCAA CAGTTTGCCT GaAATGACTG TATGGCATGC	540
25	TATCTGTAAa GGCACCAAAC TCTTTAGCTG TTAAATTTGT AAACCTCATT ATCATTACTC	600
	CTATTGTCT CTCGTTAATT AATTTCAATTT CCGTATTTGc AGTTTTTCTA TTTCCCCTCT	660
	GCAAATGgCA AAAATAATAA ATCTAATCTA AATAAGTATA CAATAGTTAA TGTTAAAACT	720
30	AAACATAAA CGCTTTAATT GCGTATACTT TTATAGTAAT ATTTAGATTT TTGAATACAA	780
	TTTCAAAAAA AGTAATATGA ACGTTTGGGT TTGCTCATAT TACTTTTTTT GAAATTGTAT	840
	TCAATTTTAT AATTCACCGT TTTTCACTTT TTCAAACAGT ATTCGCCTAA TTTTTTTAAA	900
35	TCAAGTAAAC TTAATTATTC AATGTTTGTT GGATAGATTG TAAATATTTA ATGATTTTCT	960
	CACGCGTGTT AGATTTAAAT CGCTTAACGA TTTCGCTACC AATGACAATG CCATCTGCAA	1020
40	CCTCTTTTAT ATCTGCAACA TGTTGTGGTG TTCTTATACC AAATCCTGCG ACAACTGGCA	1080
	CATTGGCTAT CGCTTTAATT GACTCAATTT TTCGTTTTAA TTCTGGATGA AACGCACCGT	1140
	TTTGCCCTGT TGTCGCATTC ATCGTCACAG TATAAATAAA GCCTTCCGCA TGGGATACGA	1200
45	TATCTTTTAT ACGTTTGTC TACGTAGTCA TCGCAACTAA CGATATGATT TTGACGCCAT	1260
	AGTGACTAAA TTGTTGTTTT AAACGCTGCG ATAATTCATA TGGTAAATCA GGAATAATTA	1320
	AGCCGTAGAC ACCAGTATCT CGACATTTTT CAAAAAACGC TTGTTCTCCA TAATGACAAA	1380
50	TAATATTATA ATACGTCATT AATACATAGT TACACTTAAT TTGATCACCA TGTTTTTCTA	1440
	ATTGATTGAA AATATAATCT ATCGTGATGC CTGTTTAAT CGCTTGTTGA CCTGCTTCCA	1500
55	TGATAACTGG ACCATCAGCA ACCGGATCAG AGAAAGGTAC TCCAATTTCA ATTATATCTG	1560

GTATAAATAA TTTAGTCATT TGCAAGACCT CGCTCTACCA TATATTGTCT AATTGTTTCC 1680  
 ATATCTTTAT CGCCACGTCC AGAAATAGTT ACTACAATAA TATCTTCTTT CGACATCGTA 1740  
 5 GCGCTAGTC TTTCAACATA ACTCAGTGCA TGTGCACTTT CAATTGCAGG TATAATACCT 1800  
 TCATGTTTTG TAAAGTTGAT TAAAGCATTG ATTGCTTGTC TATCACTAGC ATTTTCAAAA 1860  
 GTTACTCTAC CAATGTCGTG GTAATAAGAA TGTTCTGGTC CAATACCAGG ATAATCAAGT 1920  
 10 CCTGCTGAAA TAGAATGTGC TAGTTGCACT TGCCCATCTT CATCTTGAAT TAAATACATT 1980  
 TTAGTACCAT GTAATACGCC AGGTGATCCT TTGCCAATTG CAAGTGCATG TTTATCAGTA 2040  
 15 TCATCGCCTT GACCTGCGGC TTCAACACCG TATAATGCAA CATCATCTTT AATAAATGGA 2100  
 TAAAATGTAC CGATTGCATT TGAGCCACCA CCGATACATG CTACAATTGC ATCCGGAAGT 2160  
 CGACCTTCTT TCTTCAATAT CTGTGATTTT ATTTCTTTAC CAATCACACT CTGAAATCT 2220  
 20 CTAACAATCG TTGGGAACGG GTCTGGACCT AATGCAGAAC CTAATAAATA ATGTGTATCA 2280  
 TCTACATGAC TTACCCAATA TTGCAATGCT TTATTAAGTG CATCCGATAA AGTCCCTTGA 2340  
 CCATCTTCAA CTGCCACAAC CTTTGACCA AGTAATTCCA TTCTAAATAC ATTAAGTTGT 2400  
 25 TGTCTTTTAA TATCTTCACT TCCCATAAAG ACAACAAGTT CCATATCAAA TAATGCAGCA 2460  
 ACCGTAGCAC TAGCTACACC ATGTTGACCC GCACCAAGTT CAGCAACAAG CTTCTTCTTG 2520  
 CCCATTCTTT TAGCAAGCAA CGCTTGACCT AACGCATTAT TAATTTTATG GCGCCTGTGA 2580  
 30 TGATTTAGAT CCTCTCGTTT CAAATATATT TTAGCGCCAC CTAGGCTTTC AGTATATGAT 2640  
 GCAGCATATG TAAGTGGTGT CGCGCGTCCT ACATACTCTG ATAAATAGTA TTCCAGTTCT 2700  
 35 CTTTGAAACT CTGGGTCTGC TTTTGCCCTCT TTATAAGCTT TTTTCAACTC AATAATTGCT 2760  
 GGCATTAAATG TTTCTGGAAC ATATTGCCCT CCATATTAC CAAAGAAACC TAATTCATCT 2820  
 GCTTCTGTTT GTATTTGTTT ATTCATTGTC TCTATCTCCT TTCACAATAT TTACAATTGC 2880  
 40 TGTCAITTTT TCTATATCTT TTCGCCCAT TACTTCTATA CCTGATGCAA GATCATAACC 2940  
 TTGATGTGAT AATTTAAGTT GATTAACTGT TTGAATATTT TCAGAGTTAA TGCCTCCTGC 3000  
 TATCAAATAA GGTATGTCTT TTATGTGCTT CAAAATAGTC CAGTCATATG TTTGACCGGT 3060  
 45 ACCACCATAC GACACTGAGG GTGTGTCGAT AATAAATAA TCTACGAACC CTTTATATTT 3120  
 ATTTATGTTT TGGATTATGT TTTTCATCTG CAGTAAAGCT TTAGTGATTT TAATGCTTGA 3180  
 50 ATATkTCTTT TTAATTTCTT GTATAAAAATC AATAGATTCT GtGTAAGTGT ATTGTGkTAA 3240  
 wTGaCGwATg CtTAaWACgT GTGCCAATGG T 3271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 437:

55



(A) LENGTH: 1553 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 437:

10	ATAATGAAAT AATACTGTGT TTTATCTGCG AAATGTATCA TTTTCTAATc GTTTCACAGT	60
	AAAATGAAAA GATAAAGTGT GTTTTACTT GAATTTTGAC TAAAATTACT CTATATTTAT	120
	TAATTGAGCT ATGCTTATTA TTACAATTTG ATTACAAATT TTAAATTGT TAATTGAATG	180
15	ATAATATTAA ATAAGAAAC TTACACAAGC AAATATGAGT TGTAGCCCAA AATACTTGTT	240
	AAATCAAAGT TGAAAGCTAC AAATAATGAA AATTATAAAC TTGAATCTGA AAGTAATTAC	300
	TATAATTATG ACAATGTTAA CTTTAAACG CACTTATTAA TTAACATACAT AATGTTAATA	360
20	TCTAATTTAT TCAAGTACTT TCGCAAGATT TATTATCTAA ATAACGGGGG AAAGAATCAT	420
	GAGTtCACAA AAAAgAAAAT TAGTCTTTTT GCGTCTTCT TATTAAACCGT AATAACGATT	480
25	ACCTTGAAGA CGTATTTTTT TTATTATGTT GATTTTTCTT TAGGTGTTAA AGGTTTAGTA	540
	CAAACTTAA TATTATTGAT GAATCCTTAT AGTTTAGTAG CACTGGTTTT AAGTGTGTTC	600
	CTATTCCTTA AAGGCAAAAA AGCATTTTGG TTCATGTTCA TAGGCGGCTT CTTATTGACG	660
30	TTCCTATTAT ATGCCAATGT TGTGTACTTT AGATTCTTCT CTGATTTTTT AACGTTTAGT	720
	ACTTTAAACC AAGTAGGTAA CGTAGAATCT ATGGGTGGTG CGGTTAGTGC ATCATTCAAA	780
	TGGTATGACT TTGTTTATTT CATTGATACG TTAGTTTACT TATTCATTTT AATATTTAAA	840
35	ACAAAATGGT TAGACACAAA AGCATTTAGT AAGAAATTTG TTCCTGTCGT AATGGCGGCT	900
	TCAGTAGCAT TATTCTTCTT AAACCTAGCT TTTGCTGAAA CTGACAGACC AGAATTATTA	960
	ACACGTACAT TTGACCATAA ATATTTAGTG AAATATTTAG GACCTTATAA CTTTACAGTA	1020
40	TACGaTGGTG TTAAAACTAT CGAAAATAAT CAACAAAAAg CGCTAgCATC TGAAGATGAC	1080
	TTAACaAAAAG TATTAAAtTA TACGAAAcAA CGTCaAACmG AGCCTAACCC rGawTATTAT	1140
45	GGGGTGGcAA rGAAGAAAAA TATTATTArG ATTCATTTAG AAAGTTTCCA AACCTTCTTA	1200
	ATTAATAAAA AGGTTAATGG TAAAGAAgTA ACACCGTTTT TAAACAAATT ATCAAGTGGG	1260
	AAAGAGCAAT TCACATACTT CCCTAACTTT TtCCATCAAA CAGGTCAAGG TAAAACATCT	1320
50	GACTCTGAAT TTACAATGGA TAACAGTTTA TACGGTTTAC CGCAAGgTTC TGCCTTTTCA	1380
	TtaaaaGGAG ATAATACGTA TCAGTCATTA CCAGCAATTT TAGATCAAAA GCAAGGCTAC	1440
55	AAATCTGATG TCATGCACGG TGAATAAAA ACATTCTGGA ACAGAGACCA AGTATATAAA	1500

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 438:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1419 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 438:

	ACAAAATCAA TCAGCAAAAT GATTGGATTA AGACGCAAAT TGAGCGTTCA ATGGAAGGCG	60
15	AAACAGTTGG CATTAATGAT CAAAATATAG AAATATATAG TGAAcGtTgA GATTTATACC	120
	ATACACTCGT ACCTTTAAAT CAAGAATTGC ATAAGTTGCG ACTTAAAACT CAAAACTTAA	180
	CCAATGAAAA TTATAATATT AATGATGTGA AAGTTAAAAA GATTATTGAA GATGAACGTC	240
20	AAAGACTAGC ACGAGAACTT CACGATTCTG TTAGTCAGCA ACTTTTGTGCG GCMAGTATGA	300
	TGCTATCTGC TATCAAAGAA ACGAAcTAGA ACCACCATTA GACCAACAAA TTCCTATTTT	360
	AGAGAAAAATG GTTCAAGATT CGCAGTTAGA AATGCGTGCT TTGCTGTTAC ATTAAAGACC	420
25	GCTTGTTTGA AAAGACAAAT CTTTAGGTGA GGGTATTAAA GATTTAGTTA TTGATTTACA	480
	AAAAAAAGTG CCAATGAAAG TTGTGCATGA AATACAAGAT TTTAAAGTGC CTAAAGGTAT	540
	TGAAGATCAT TTGTTTCAGAA TTACACAGGA AGCAATTTCTG AATACATTGC GTCATTCAAA	600
30	CGGTACAAAA GTGACAGTAG AATTGTTTAA TAAAGACGAT TATTTATTGT TGAGAATTCA	660
	AGATAATGGT AAAGGTTTTA ATGTTGATGA AAAATTAGAA CAAAGTTATG GACTTAAAAA	720
35	TATGCGTGAA AGAGCTTTGG AAATTGGTGC AACGTTCCAT ATTGTATCAT TGCCAGATTC	780
	AGGTACACGT ATCGAGGTGA AAGCACCTTT AAATAAGGAG GATTGCTATG ACGATTAAAG	840
	TATTGTTTGT GGATGATCAT GAAATGGTAC GTATAGGAAT TTCAAGTTAT CTATCAACGC	900
40	AAAGTGATAT TGAAGTAGTT GGTGAAGGCG CTTCTGGTAA AGAAGCAATT GCCAAAGCCC	960
	ATGAGTTGAA GCCAGATTTA ATTTAATGG ATTTACTTAT GGATGACATG GATGGTGTAG	1020
	AAGCGACGAC TCAGATTAAA AAAGATTIAC CGCAAATTAA AGTATTAAATG TTAAGTAGTT	1080
45	TTATTGAAGA TAAAGAGGTA TATCGTGCAT TAGATGCAGG TGTCGATAGT TACATTTTAA	1140
	AAACAACAAG TGCAAAAGAT ATCGCCGATG CAGTTCGTAA AacTTCTAGA GGAGAATCTG	1200
	TTTTTGAACC GGAAGTTTTA GTGAAAATGC GTAACCGTAT GAAAAAGCGC GCAGAGTTAT	1260
50	ATGAAATGCT TACAGAACGA GAAATGAAAA TATTATTATT GATTGCGAAA GGTTACTCAA	1320
	ATCAAGAAAT TGCTAGTGCA TCGCATATTA CTATTAAAC GGTTAAGACA CATGTGAGTA	1380

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 439:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 608 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 439:

ATGTnGGCGG ACGTAAAGGA CATGTTTATA CTGATGATCG AGCATTAGAT ATTGATATCG 60  
 TTCCGCCTGC TCAAGCAGAT GGTAAGCTA CTAACCCCGA ACAATTATTT GCAGCAGGTT 120  
 ATGCATCTTG CTTCAACGGT GCTTTCGACC TAATTTTAAA GCAAAACAAA GTGCGTGATG 180  
 CTCATCCAGA AGTAACACTA ACAGTGAGAC TAGAAGATGA TTCAGACTCA GAAAGTCCTA 240  
 AATTAAGTGT TTCAATTGAT GCGACAATTA AAAATGTTAT ATCTCAAGAA GAAGCTGAAA 300  
 AATATTTACA AATGGCTCAT GAATTTTGTC CATATTCAA AGCGACTCAA GGAAATATTA 360  
 ATGTCGATTT AAATGTAAAT GTTGTAGATT AGCATTAAC TAAAGAGATT ATTCAACGTT 420  
 ATTAATAAAA TTCACATAAA ATTCAAATt stCrAcCAAA AATTTTGGT TGGyTATTTT 480  
 TTCTATTCGT GATTGAAAT TCTGGCAATA TTAACTGAA AATGATTGTA CCTTAGTCAT 540  
 CATAAATGTG ACCGGTTCCA ATACTGGCTT GACTTCTTCG CATACCGTCT ACAAATAAAA 600  
 GTCCAGTG 608

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 440:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 682 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 440:

CCTTTCAAt TCTCCCAAgA TTTACGCATG TCTGACCAAA TGTCAATACA ATACCTGAAT 60  
 AATGATTTCT GGAGTAATTG CGAAAAATAT TTAAAAGTTG CTATAGATCA ATTTTCAAAT 120  
 TATAGTATCT CATCTCAAGT TTCTAACTAT CATTTACAG TATTACTTGG AGATCGCCAA 180  
 AAACCACTTA TGTATCTAAA TAAAAATCGC GGTGGTGATG GTGGCATACC AGGTTATATT 240  
 ATGATTTATT TAGTGCCGAG TACAAGTACA ATTAATTCTA TGAAAAGCTT AATTGCACAT 300  
 GAAGTAAATC ATAATATGCG CTATCAATAT ATTGATTGGG ATGGCGGAAG TTTGATTGAA 360

ATTGGACCGT GGGTAACAAA TACTAATTGA AGTCGTGATA ACGTAAAAAT TAAAAATACT 480  
 ATTTATAATC ATTTACATTT AAAGCATATA TTTGAATCGA tGCCTTATCT CTATGGTGTAT 540  
 5 GATATTAATA AACTTCAAGG TAGGCCTATC GTTGGCTTAT CTCATGCTGC CGGGTATGCA 600  
 TGTGGCTATC ACTTGGTAAA ATACTTTTTTA CAAAAACAA ACATACCTAT TGAAGTTGCT 660  
 ACAACACTTC CAGCACAAAA AA 682

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 441:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 2574 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 441:

ATCTTCTTTT AACATGACAA ATTGCAACAA AATATTAATG ACGCCAAAAG ACATTTTTTC 60  
 ACGTTCAATT AATTCTTCAA CCATTGTCTT TTGCGATATA GTTGGTTCTG ATTCAGACCA 120  
 25 AGAAGCTAAC ATATCAATTG GACTCGTTTG TTCAAGTAAC TCAAACCAT CATCACTTTG 180  
 TGGCTTTGGA TTCACTTCTG AAGATTTGCC CGCCGAAGAT GATGTAGCAG GAGATTTTAC 240  
 CTGTAATTTA GGCATTTGAT TTTCGTGTTT CATTAAGTAA TACGAGCGTG CTTGTTTACG 300  
 30 CATTTCTTCA AAGGATAACT GTTGTCCACT TGTAATTGAA TTTAAAATAA CATGCTTCAT 360  
 GCCATCTGCT GTTAAACCAT ATAAAGTCGC GAGTTGTGTA ATTAAACGCT TTGCATCTTT 420  
 35 GGTAAACAATG TCTTGACTAA TAAAATGTTT ACCTAACATT TGTCTCAACA TTTCAAAGTC 480  
 AAAAGATTCA TTTGATAAAT CGATACCTTG GTACGGTTCA TTAATCGGaa TATCACTTGT 540  
 ATCGATATCT ATTTTGTAG ACGGCACCTT AAAAACATCA GTAAATTGTC TTGTTACCTG 600  
 40 TTTAAATTCA CTCAAATCAA TTTGTTGATA CTCAAAGTAT TTCTTCAACT CATGAAATCG 660  
 ACGATGCTCG ACTTCACTAT ATAAAAAGAT TGACAACATT GGATCATTAA AAAATAAATG 720  
 TGCTGAAGGG GtTGaATTAA TTGGTAAACA AATTGTGTTT CTTGTTTCATC ATGTTTGACA 780  
 45 AACGCCTTTA ACAATCCAAT CGCTTCAAGT AAGTCCATTT GTTGTCTAAA CTCTAGTAAA 840  
 TTAATTTTAA GTTCATTCAT AAAAATATAA TGAGAAAGAA TCAATGTTTC ATTATGACTT 900  
 TCTTTAACGA ATTGAGTCAT AAAATGATAT AAACCCACTG CTTGCGTTCC AATTAGCGGT 960  
 50 GTATACAGTC GATTCAATAC CTCTAAATGA TTCGTATTTA AATCAAAGTG TTGCATAACT 1020  
 TTGAATTGAT CCTTTGGTCT TAAGCCGAAT TCGAAGGCTT GTCGTCCCaT TTAAGChATC 1080

AAATTCTTTA TAGACTGATG CAAATCTAAC ATATGAAACT TGATCAACAT GCATTAACAA 1200  
 GTTCATAACG TGTTACCTA TATCTCGTGA AGACACTTCC GTATGACCTT CATCTCGTAA 1260  
 5 TTGCCATTCA ACCTTGTTAG TTATGTCTTC AAGTTGTTGA TATCTAACTG GTCGTTTCTC 1320  
 ACAAGAACGC ACAAGTCCAT TAAGTATCTT TTCTCTTGAA AACTGCTCTC TTGTGCCATC 1380  
 TTTTTTCACA ACTATAAGCT GACTAACTTC GATATGTTCA AATGTAGTGA AACGTGTTCC 1440  
 10 ACAATTTTCA CATTCTCTTC GTCTTCGAAT GGCATTTAAT TCATCGGCAT GCCTTGAATC 1500  
 TACAACTTTA GATTGTGTAG AATTACATTT CGGGCATTTT ATTACATCAC CCTCTTTATT 1560  
 TTGATTATGC CTAATTATAC TATAAATCTA GAGATGAAAA AAGAATCCCT CAATTTAATT 1620  
 15 CATTTAACCA AATAATGAAA CAATAAAAAA CATTATATCG TTACTTATTA AGTAATTTGC 1680  
 ATGACAATAT TATTGTATTA AAAATAAAAA ACCTAACTCC GAAGTCAGAG TTAGGCTATA 1740  
 20 AATTAATTGT ATTAACCTGC ACTTACAGTT TCTTTTGATG TCAAAAGTGC TCCAATTTGC 1800  
 TCAGCAACAT CTACAACTCT ATTTGAATAA CCCCATTCAT TATCATACCA AGCAATAACT 1860  
 TTTACTTTAT TCCCTGACAT GACCATTGTT GATTTTGCAT CAATAATAGC TGAATTTGGA 1920  
 25 TTAGTATTAA AATCAACAGA CACTAGTGGT TGATGTTTGA CTTCTATGAT ACCTTCTAAA 1980  
 CCTGCATTTT CAAAAGCTTG GTTTACTTCT TCTGCAGTTA CTTCTTTTTC TAAATCAACA 2040  
 ACTAAATCAA CGAGCGATAC ATTCTTTGTT GGTACACGTA ATGCCATGCC GTGTAATTTA 2100  
 30 CCTTCTAATT CTGGTAATAC TTCTTTTAAA GCTTTGCGCC CACCAGTAGA AGTAGGAATA 2160  
 ATGCTTTCAT TACATGAACG TGCACGTCTT AAATCTTTAT GTGGATTATC AATATTTTTT 2220  
 TGGTCATTTG TAATAGCGTG AACAGTAGTC ATTAAACCAT TAACTATTCC AAACGTGATTA 2280  
 35 TTTAAACTT TTGCAACTGG ACCAATGCAA TTAGTAGTAC ATGAAGCATT ACTAAAAATG 2340  
 TCAAAATGCTT CTATATCTAA TTGGTTATCA TTTACGCCTT TAACTACCAT TTGAACATGT 2400  
 40 CCACCTTTTG nAGGACCAGT TAACAAAaT TTTtTGGCAC CTGCTTTAAT ATGTGCGATG 2460  
 GCTTTATCAC CATGaTTAAA TTTACcAGTT GCATCTATAG CAATATCGAT ATCTAATTCT 2520  
 TTCCATGGCA AGTTTTTcAGG ATTGCGATCA GCAACCAATT TAATTTTATG ATCT 2574

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 442:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3326 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

	CAAGGTACCG	GTTTAGGTTT	GTTTATTGTT	AAAATGATTA	TCGAAGAGCA	TGGTGGTTCC	60
	ATAGATGTTA	AAAGCGAATT	AGGGAAAGGC	ACAACATTTA	TTATTAAACT	ACCAAAACCA	120
5	GAATAAAATT	GAATATAGTT	ATTTTCAGAAC	GCATGTTATT	GATTAGAGAC	TCTAATTTAT	180
	AGCATGCGTT	TTTTGATTGA	TGTGGGGAAT	TTGTATGTG	GATTAGAACT	TAGGGTTTTT	240
	GCGAATATCA	ACTATTAAAT	ATATTACTAA	TTTATACAAA	AATATAAAGT	TTGATAAAGT	300
10	TATTTATTTG	ATTATAAAAA	TAGGGTAAAA	TATAGATATA	TTGTATTAAT	TAAATTATTC	360
	GAGGTGTCAT	ATGAAAAAAT	TCATTGGATC	AGTTTTAGCT	ACGACATTAA	TTTTAGGGGG	420
15	ATGTTCCACG	ATGGAAGATG	AATCAAAAAA	AGACACAAAA	ACAGAAACAA	AATCTGTACC	480
	AGAAGAAATG	GAAGCTTCAA	AATATGTAGG	CCAAGGCTTC	CAACCGCCTG	CAGAAAAAAA	540
	TGCGATTGAA	TTTGCGAAGA	AGCATCGTAA	AGAATTTGAA	AAAGTAGGTG	AACAATTCTT	600
20	TAAAGATAAC	TTTGGACTAA	AAGTTAAAGC	TACAAATGTT	GTAGGTAAAG	ATGATGGTGT	660
	AGAAGTTTAT	GTGCATTGTG	AAGATCATGG	CATTGTATTT	AATGCAAGTC	TACCTTTGTA	720
	CAAAGATGCC	ATCCATCAAA	AAGGATCAAT	GCGCAGTAAT	GACAATGGTg	ATGATATGAG	780
25	TATGATGGTG	GGTACAGTGC	TGAGTGGCTT	TGAATATCGA	GCGCAAAAAG	AAAAGTATGA	840
	TAACCTATAT	AAATTCTTCA	AAGAAAATGA	AAAGAAATAT	CAATATACAG	GCTTTACAAA	900
	AGAGGCAATT	AACAAGACAC	AAAATGTCGG	ATATAAAAAT	GAATATTTTT	ATATTACATA	960
30	CTCTTCTAGA	AGTTTAAAAAG	AATATCGAAA	GTATTATGAA	CCACTGATTC	GAAAAAATGA	1020
	TAAAGAATTT	AAAGAAGGAA	TGGAACGAGC	AAGAAAAGAA	GTGAATTACG	CTGCAAATAC	1080
35	AGATGCTGTT	GCTACACTTT	TTTCTACTAA	GAAAAACTTT	ACTAAAGACA	ATACAGTAGA	1140
	TGATGTAATC	GAACCTAAGT	ATAAATTATA	TAATTTAAAA	AATAAACCAG	ATAAATCTAC	1200
	AATCACAATA	CAAAATAGGGA	AACCCACTAT	TAATACTAAG	AAAGCCTTTT	ATGATGATAA	1260
40	TCGTCCAATA	GAATATGGGG	TGCACAGTAA	AGATGAATAA	AATTAATGAT	AGGGATTTAA	1320
	CAGAATTAAG	TAGTTACTGG	TTTTATCAAA	ATATTGATAT	AAAAAAAGAA	TTTAAAGTTA	1380
	ATGGAAAAAG	GTTTAAACAA	GTAGACAGTT	ATAATGATGA	TAAGAATAGT	AATTTGAATG	1440
45	GTGCTGCTGA	TATTAAAATA	TATGAGTTAT	TAGATGATAA	AAGTAAACCA	ACTGGTCAAC	1500
	AGACAATAAT	TTATCAAGGA	ACATCTAATG	AGGCAATTAA	TCCAAATAAT	CCATTAAAAT	1560
50	CATCGGGGTT	TGGAGATGAT	TGGCTCCAAA	ATGCTAAATT	AATGAATAAT	GATAATGAAA	1620
	GCACAGATTA	TTTAAAGCAA	ACAGATCAAT	TATCAAATCA	ATATAAAATA	AAGTTAGAAG	1680
	ATGCAGATAG	ATTATCAAAT	AGTGATTTTT	TAAAAAAATA	TAGAATGGAA	TCAAGTAACT	1740
55							

EP 0 786 519 A2

	ATCAAGGAGC GAAACATCCG AATGAAAAAG TTGTTGCTAC TGACTCAGCA ATGATTCCTT	1860
	ATGCTGCTTG GCAGAAATTT GCTAGACCAC GCTTTGaTAA TATGATTAGT TTTAATAGTA	1920
5	CCAACGATTT ATTAACATGG TTACAAGATC CATTCaTCAA AGATATGCCA GGAAAACGCG	1980
	TTAACATTAA TGATGGTGTG CCCAGGTTAG ATACTTTAAT AGACAGCCAT GTAGGTTATA	2040
	AAAGGAAGTT AAATAGAAAA GATAACACAT ACGATACTGT ACCACTAATC AAAATAAAGT	2100
10	CGGTAAAAGA TACAGAAATT AAAAATGGAA AAAAAGTAAA AAAGACTATT AACATAACAT	2160
	TAGATATGGA TGGGCGAATT CCAATAAATG TTTGGACAGG AGATTCGATT GCACGTTCTG	2220
	GAAGAGGAAC TTTAATTAAA CTTAATTTAG AAAATCTTGA TCGGTTGAGT AAAGTATTA	2280
15	CTGGTGAAAC AAGTGGTATG TTAGCAGAAT GCGTAATCTT TTTAAATGAA AGTTTAAACA	2340
	TCTCAGAAAA TGAAAATAAA AATTTTGCAG ATAGAAAGAA ACAATTATCA GAAGGATTTA	2400
20	AGGATAAGAT TAACCTATTT CAGTTAGAAG AAATGGAAAG AACTTTAATT AGTAAAATAA	2460
	ACTCACTTGA AGAAGTTGCA GATGAAACAA TAGAAAGTAT TAGTGCTGTT AAACACTTAT	2520
	TACCTGATTT TGCATTGGAT GCATTAAAAG AAAGAATTAA TGAGTTGTTT AAAGGTATAA	2580
25	AATCTTTTAT AGAAAAAGTG TATGATAGTA TAGATAATGA AATTTTAGAA ATTTTCAAAA	2640
	ATATAGATCA CGACTTCAGA GATGGAGTAT CTGAAGAAAT GATGAAACAT TTGAAAGTAG	2700
	TGAAACAGAA TATAGACCAA ATAAAAAATC AAAATGATAT TTATGGTAGG CAAATTGCAG	2760
30	ATATTAGAAG TATTATGAAA CAACAAGATG CAACAATTTT AGATGGAAAT TTTCAAATTA	2820
	ATTGTAGCGG CGAAAATATG GTACAGGGTC TAGTTATACC TTCTAATTAT TTAGGAAGAA	2880
	AAATGAAAT ATTAAGAGAC CATATCGATG ATGGTATTAA AAAAATAGCA GACTATGTTC	2940
35	AAGGTATATA TGATGAATAT GCATCGAAAA TTGTCGATGT AATAAAATAT TTGATTAATA	3000
	CAATTCCTCA AATACGTAAG AATTTAAGAC ATGCAATTGA AATGTTAAT GTAAAAAAGA	3060
40	AAGAATTTTT GTCCCTGATT CCTAATGTAA CTTGTAATTA TATTAAACT AAATTAGAAG	3120
	AATTAGATAA TACTTTAGGC AAATGGGAGC CTTTTCTTAA TGATTTAAAA GCAGTGTCAC	3180
	CAATTTTAGA TAACCATTTA GATGATATTG TTAAGAACAT GAAGCCTTTG ATTGTACAAA	3240
45	TGAYatwTGA ACCATCACAT TATGaCGATA TGTTTAATTC aAGAAAAGCT TTAACGcCAG	3300
	TGTTCTCAAG CGTTTTATAA AGGTTG	3326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
  - (A) LENGTH: 5301 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 443:

5	ACCTATAGCT GGCCCGTCAA GTCCTGAATC ATATGTCGCT ATAAACCCAG TTGCATGCCC	60
	AGCAATCTCG GTTTC AATTT CAAAATCATG CTCTTTC AAA CGATCTATTA AAGTTTCGAGA	120
	CGCAAATATT TCTTCATTAC CAAGTTCAGG ACGTTCATGA ATTCTATGAC TGATTTCGAT	180
10	ATAACTATAT TTATTTGTTT CTATATAATC GAGAATTTGT TGTTTTTTCAC TCATTTT TTA	240
	CTATCTCCCT TTTACCCTAC ACTCATTTTA ATCATCCACA ATATTTTGT TTTTCAAAAT	300
	GAATTATTAC TTATTTCTATC GGTTTTATCT CATGATGTCA TCTAGTTTTT CTTTATTTAC	360
15	AAAATTTTCT AATAACTAAA aGCCTTTCAT AAATTTATAA AACAGTTTCA AATTGTAAAA	420
	CATAAGCCCT ATTGTTACAA TTTAAGTATT GTTAGAAACA CAACTTACAA CAAACTTAAG	480
20	TTTTATAATG CAACAAATCA TAAGCGTTTT ATAGTTTTGA GTAGTTAATA GGAGGAAATT	540
	CAAAATGACA AAAATGAATG TTGAAAGTTT cAATTTAGAT CaTAcTAAGG TGGTTGCCCC	600
	ATTTATTAGA TTAGCGGGAA CGATGGAAGG ATTAAACGGA GATGTCATT CACAAATACGA	660
25	CATTCGTTTC AAACAACCAA ACAAGAACA TATGGATATG cCCGGACTAC ATTCATTAGA	720
	ACATTTAATG GCTGAAAATA TTAGAAATCA TAGTGACAAA GTTGTGATT TAAGTCCTAT	780
	GGGTGCCAA ACTGGTTTCT ATGTATCATT TATTAATCAT GATAATTATG ATGATGTATT	840
30	AAATATTGTT GAAGCAACTT TAAATGATGT GCTAAATGCT ACTGAAGTGC CTGCTTGTA	900
	TGAAGTACAA TGTGGCTGGG CAGCAAGTCA TTCATTAGAA GGTGCTAAAA CTATCGCTCA	960
35	AGCATTTCTA GACAAACGAA ACGAATGGCA TGATGTTTTT CCGTACAGGAA AATAAATCTT	1020
	AGTCAATCAA GTTAATCAGA AAaGCAGTCG AACAAATGATT TTACAATCGC CATTGTCCAA	1080
	CTGCTTTTTA TTATGCTTCA AAGTCAAAAA ATCGAACAAA TGAAAAAGTA AAATCTTTAA	1140
40	CATTTGTCCG ATTTATTTGA GAACCACTAT AATTTCTTAA TTAGTCCCAT TAACACGAAC	1200
	TGCATAGGTA ACCTTAAATA TAGTTGCCAT GTTGGCAATT GTTTATCTCC TAAAGGTAAC	1260
	TTTTTAACTG CCATATAGAT ATTAGCTGGG AATACAGCTA GCAAGAATAG ATTGATTGTA	1320
45	TTTTTCAAGC ATTGAGATGG TCTTTTAATT AAAAGTGCAA GTCCAAATAA TATCTCAAAG	1380
	ATTCCTGTAA CAAGAACCGC TGTTTTTCGA AGTGGCAAAC ATTCGGTAT GATATTTCTA	1440
	AATTGTCGTT CTCGTGTAAA ATGCAATACA CCTATTACAC TAAAACCTAT TCCTAATAAA	1500
50	TATCTTAGTA TGTTC AATCA GCTTCAACTC CTATTCTGTA ATGATTTTAT GAATTAATGT	1560
	AGGCGATACA ACATGaTCAG CAATTGTTAT GCTTGAATCT AATTTTTTAA CAACATCGTC	1620

55



## EP 0 786 519 A2

	AATTTTTTTA	TTTAAAACAA	TACCAACCGC	TAAATCAATA	TCATCCTCTT	TTGTTAAACG	1740
	TCCCGCTCCT	AACATCATCG	AAGCGACACC	TATATCGTTA	GAGACTAATT	CAGTCACATA	1800
5	ACCTGATTTT	TTAGCTTTAT	ATTCAATTTG	ATATTGAGCT	TGTGGCAAAC	GCTCTGGATG	1860
	GTCAATAACA	GTTTCGTCGC	CACCTTG GTT	TTTAATAAAT	GTTTTGAATT	TTTCTAATGC	1920
	TGCACCTGAA	TTAATTGCCT	CAATTAGCAA	CGCTCTCGCT	TCTTCAAGCG	TTTCAGCTTT	1980
10	GTTTGCAAGT	ACAACCATTT	GAGAACCTAA	TGTTAATACA	AGTTCGTGTA	AATCTTTTCGG	2040
	ACCTTGTCCT	TTCAACGTAT	CAATTGCTTC	TGTAACTCA	AGCGCATTGC	CAATCGCACG	2100
15	TCCAAGTGGC	TGATTCATAT	CAGAAATAAT	CGCCATCGTA	TTACGTCCCA	CATTATTACC	2160
	AATACGTACC	ATTGCGTGCG	CTAATGCTTC	AGCATCTTCT	AATGTTTTCA	TAAATGCACC	2220
	GCTACCAGTT	TTTACATCTA	ATACAATTGC	ATCTGCACCA	GCAGCAATCT	TTTTACTCAT	2280
20	AATTGAAGAG	GCAATTAATG	GTATTGAATT	GACAGTACCA	GTAACATCCC	TTAAGGCATA	2340
	TAATTTTTTG	TCTGCAGGAG	TTAAATTTCC	TGATTGTCCT	ACAACTGCCA	CTTTATTTTC	2400
	ATTAACCAAT	TTCACAAATG	TTGCTTCATC	TATTTCAACA	TGAAAACCAT	CAATTGCTTC	2460
25	TAATTTATCA	ATCGTACCAC	CTGTATGACC	TAATCCACGC	CCACTCATT	TTGCAACAGG	2520
	AACATCTACA	GCTGCTACTA	ATGGTGCTAA	AACCAATGTA	GTTGTATCTC	CTACACCACC	2580
	TGTTGAGTGC	TTATCTACTT	TGACACCTTT	AATATCACTC	AAATCTATCA	TATCACCAGA	2640
30	ATTAACCATA	GCCATCGTTA	ATGCTGCACG	CTCATCATCA	TTCATATCTT	GGAAATAAAT	2700
	CGCCATTGCT	AAACTTGATG	CTTG GTAATC	AGGAATATCC	CCTTTAACAT	AGCCGCCAAT	2760
35	AAAGAAATTA	ATTTCTTCCG	TTGTTAGTGT	ATGACCGTCA	CGCTTTTCT	CAATAATGTC	2820
	TATCATTCTC	ATTTTATCA	TCCTTTTCTT	AAAAAGCTTA	GGACAAAGCA	TCTGCGCTTT	2880
	CTCTAGTCCA	TTTTTAAAAG	CACAAGCGAA	AATTATTATA	GCAAGCTATC	GATTTTCAATT	2940
40	TTAATATCAC	AATTTCAATG	CGATGTTATT	ATCTTTAAAT	AGATTGGTTA	TAACGTTAAA	3000
	GTCCCTATTA	AATTATCTTA	GAATCATCAT	GGCATTTATG	ATGTCCTAAA	GCTGATATCG	3060
	ACATACTTAT	ATATGGTTAC	GATGTCCCAT	GCTTACATAT	TTTTATAAAA	TTAGTAATCT	3120
45	GAATCTGCTT	CTAAACCTTG	CATAATTTGa	ACGCCTGCGC	TGCGACCAAT	ACGTGTCGCA	3180
	CCTGCTTCAA	CCATTTTATT	GAAATCTTCT	AAATTACGTA	CGCCACCTGA	TGCTTTTACT	3240
50	TCTATATCAG	CACCTACTGT	ATCTTTCATT	AATTTAACGT	CTTCTGCAGT	CGCACCGCCA	3300
	CCTGCAAAAC	CTGTTGAAGT	TTTAACGAAG	TCCGCACCAG	CCGCTTTTGT	TAATTCACTC	3360
	GCTTTTACAA	TTTCGTCATG	GTCCAACAAT	ACCGTCTCAA	TAATCACTTT	TACTGTGTGA	3420

55

## EP 0 786 519 A2

	TTTAATGCGC	CGATGTTGAT	GACCATGTCA	ATTTTCATCTG	CACCATTTTG	AATCGCATCT	3540
	TCTGTTTCAA	ATGCTTTCGT	CGCAGTTGTC	GATGCACCTA	ATGGGAATCC	TATTACCGTA	3600
5	CAAACATAACA	CCTCTGAATC	AGCTAGTCGC	TCTGCTGCAT	ATTTAACATG	CGTTGGATTG	3660
	ACACATACAG	ATTTAAATG	GTATGCTTTC	GCTTCATCGA	TGATTTGATC	GATTTGCGTA	3720
	CGTGTGACT	CAGGCTTCAA	TAAAGTGTGA	TCAATCAATT	TTGCACTATT	CATTTTCTAT	3780
10	CTCCTCCTTT	ATGGTTGATT	ATAAAAATAC	GGTTGTAAAT	TAGTTGATTG	AGCGTCAGGT	3840
	TCATTTAAAT	ATCAGGTTAG	ATGTTGCTT	TTTATGTAAC	CGCATACATA	TACTATTACA	3900
15	TTAATTCATT	TCCCATAAAC	AAACAATACA	ATTGAACGTG	ATATCTTCAT	TATGAACGAT	3960
	GACTTGACAA	CAAGCTAATC	AGGATTATAT	TTTTATAATT	CTTTAATTCT	ATAGTACAAA	4020
	AATTCGCAA	AAAGGGAAAC	AAATGTTATC	TTAAAATTAT	TAATGAATAT	TAAGGAGAAG	4080
20	ATAACAAATG	ACAAAAGGTA	CACCACATAT	TCAACCAAAT	GGAGTAAAAA	TTGCTAAAAC	4140
	AGTATTAATG	CCTGGCGATC	CGCTACGTGC	AAAATATATT	GCTGATAATT	TTTTAGAAAA	4200
	TGTTGAACAA	TTTAACGATG	TACGTAACAT	GTTTGTTTAC	ACTGGTACAT	ATAAAGGTAA	4260
25	AGAAGTTTCT	GTAATGGGTT	CTGGTATGGG	TATTCCAAGT	ATTGGTATTT	ACTCATATGA	4320
	GTTATACAAC	TTCTTTGATG	TAGATACAAT	CATTCGTATC	GGTTCTTGTG	GCGCATTACA	4380
	AGAAAATGTT	AACCTTATACG	ATGTTATTAT	TGCACAAGCT	GCATCAACTA	ATTCAAATTA	4440
30	TGTAGATCAA	TACAATATTC	CAGGTCATTT	CGCGCCTATC	GCTGACTTCG	AGTTAGTAAC	4500
	TAAAGCTAAA	AATGTCGCTG	ACCAAATCGG	TGCTACTACA	CACGTAGGTA	ACGTATTATC	4560
35	TTCTGATACA	TTTTACAATG	CCGATCCAAC	ATTCAATGAT	GCTTGAAAAA	AAATGGGTAT	4620
	TTTAGGTATC	GAAATGGAAT	CAGCTGGTTT	ATATTTAAAT	GCGATTTCATG	CTGGTAAAAA	4680
	AGCACTTGGT	ATTTTCACAG	TAAGTGATCA	TATTTTACGT	GACGAAGCTA	CTACACCTGA	4740
40	AGAACGTCAA	AATTCATTTA	CACAAATGAT	GGAAATCGCT	TTAGAAATCG	CAGAGTAACT	4800
	TATTTAAATT	GACTTTAATT	GCTCTTTAAC	AATGCGATTA	AACTCAAAAA	GCCAACACAT	4860
	TCTGGGCGTA	TCCCCATTTA	TGTGTTGGCT	TTTATTTATA	TTATTACTTA	TCTGTAGATT	4920
45	AGCTTAAGTA	AGATTTAAAC	ATCCAATTAT	GTTTATCTAC	TGATGTTTGC	ATACCTATAA	4980
	ACATATCTTC	TGATACATCA	TCGCCAGCAT	TACCAGCAAT	TTGATTGCG	TTTTCTAATT	5040
	GTTTTGAGAT	ATTTGTGAAG	TCTTGTGATA	ATTCTTCAAC	CATTGTGTTCT	GCAGAGTAAC	5100
50	CTTTCGCAGC	TTCTTTAACA	ATTGATTGCT	CTAAGCATTG	AGTTAATGTA	CCTACAGGGT	5160
	TTCCTCCTAC	CGCTAAAATT	CTTTCAGCTA	ATTCGTCTAC	ATATTGGCTT	GCTTCATTAT	5220

55

AATTGTGTAG CTTTGTGTAA G

5301

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 444:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 11466 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 444:

15	GAAGATGAAA GCTATATTGA AGATGATGTT ACTAAAAAGG AAGCTATTTT AAGTATGCAA	60
	ATTCCTAAAG GTTCTCTCA AAAATTAAAA GAGAACCGTT TAAAGAAAC GATACAGTTA	120
	TATGGTAGAG ATGACTTTAT AGGTGGTATT GCTGTAGAAA TTGTTAGTAG TTCATTATAT	180
20	GAGCAGCAAA TTCCTAACAT TATTATGAA CACCTTGAGG ATATGAAACA GCATCAATCC	240
	ATCGATGCTA TCAACAAGTC CTATCATAAA CATAACCTG AATCTAAAAT CAAATTTGTG	300
	TCGCTTACTA AACAAGCACA ACACTCTATT TCAATTAGCT TAATCTTTGC GGTGATTTTA	360
25	TTTGTTAGCG CTGTTCAAGT AGTACTTCAT TATCGTTTAA ACCAACAAGC AGCATTGCAA	420
	CGATTATCAC AATATCATTT AAGCCGTTTC AAACATATA GTACTTATGT AATGACACAT	480
	ACGATTTTGT TATTGTTGGT ACTATTGGCA GTTAGTCTAT ATTTGTCTCA ACCACTCAGC	540
30	TTAATATTTT ACTTAAATC ACTGTTACTT ATATTGATTT ATGAGATAGG TATCGTCTTT	600
	ATCTTATTC ATATTCAAAC AATAAGTCAT CGATTATTC TGACATTTAT ATATGCACIT	660
35	GCTATGGGTA TCGTATACTT GATTATTTTC ATGTAAAGGA GCGTAACTGA TGATAGAAAT	720
	TAATAACCTT TCAAAGCGTT ACCGTAACAA ACAGATTTTC AATCATTTAA CTATGTCCTT	780
	TGATAGTAAT CGTTTAACCG TATTACTTGG TGATAATGGT GCTGGAAAAT CAACATTACT	840
40	TCGTATGATT GCTGGTATTG AAAAAGCTAA TGATGGAACT ATCAACTATT TCGGCGAAAA	900
	ATGGAATCAA AGACAaATAC aAAATCACAT CGGTTATGTG CCACAAGACA TTGCGTTATT	960
	TGAACACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTTGTA AAAATCCAAT	1020
45	TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA	1080
	AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAACG TAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG	1140
50	TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA	1200
	TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA	1260
55	TCATTTAGAT GAAGTTGAAG CACTTGCAGA TGATATCAAG TTAATTGGCC AAGATCCTTT	1320

EP 0 786 519 A2

	CCCAAGCTGC GTATGATATC GCAACTTGGG ATTTTCTGTA TTATCTACTT TGCAAGTATG	1440
	ACGTTGGGTC TACTGCATAT TGATTACCGA TGCCACCAGA CATACGTTGG AAGTGTAAGT	1500
5	GAGGCGCTGT TGAATTACCC GTACTACCTG AATATGCAAT TTGGTCACCA GCTTTGACTT	1560
	TATCACCAGC TGAACACAGT AAACGATTAT TATGCATATA CCATTGGTAG TTATTACTGT	1620
10	TCGCTTCTTT AATCGTTACT TGATTGCCGC CACCATAGTT ACTCCAACCT GCTTGTTACTA	1680
	CTGTACCATC AGTTAATGAG TAAACTGGTG AATTTTCAGG CATTGCATAG TCGACACCGT	1740
	AATGCGCACC ACCACCGTGA TATTGTCCAT ATGGTTGTAG TTGTTTACGA CTGTGTTAACC	1800
15	AGCTTGCGTC TTTCGCATGA CCACTAGCTG TCGCTTTACT TGCTGATCCA CCATTTTGAT	1860
	TAGATGTGCC ATTAGGATAA TTGACCTTTC CATTACCATC ATGGCTGTGA TACGCTTGGT	1920
	TGTTGTTACT ATGTGAATAA TAGCTCGCGT CTGGACCTAC ATTTGATTGA TAACCATATT	1980
20	GATTAATATG CTGTTGGCTT TGAATCGCTG TGTAGTCATT GTTATCTCCT GCTGTTGCTG	2040
	GATTCACATA TGTTTGGCCG CTTCCATTGG CATTTCGATT TTTTGATAA CAGTTATAAA	2100
	AATAATGCGT ATGTCCTTGA GCATCTACGA ATGTATAGCT ATATTCTTTA TTATCAAACA	2160
25	TTGCTTGATT CCAGTTACCA TCAGGTGTGT GATGATAATC CCCATTAGAA TCAATTGTAT	2220
	AATAAGTACC ATAAGATACG TCTTGTGATT GTGTTGACAT TTGTGTATGT GCTTGTGGG	2280
30	TGTTTGTGCT TTCTGCTGCA TCTGCTTGAT GCGCCATTGT AAATGTAGCG AATCCATCGT	2340
	TGCAATCGCT GCTGCTGTTA ATTTTTCAT GTATAAAACA TCCTCCATTA AAGTTAAAGT	2400
	TAGTTTTCAT TTAACTGTA CTGCACATAC TAAAGAATT AGACAACTGA GTAAAGGATT	2460
35	TAATTCTCAT TTTCCTACTA TTAAATATTC CCGAAATGTT TTAATAAATC CATTACATTG	2520
	TCATTACAAA ATAGCCATAC ATTGATATTA AAATGACATC TCTCACTGCA TTCGTTTAAC	2580
	CTTTTATAAA TTTTCAAAAT TAACAATAA TCGTTCGCTC ATGTTGCGCA TTCAACGCTA	2640
40	ATGCATGATA GTAATCATCC ATCAAATCAT ATCAACCATA TTCCATTATC AATCGCTATT	2700
	GATTGTCATT CAACTTTCTA ATAGTGATAT GCTTCTCAGG CTAAAAATC GTCATATCTT	2760
	TTCTATTAAT TAAATCATCT GTGAGCTTTA ATGCTACTAA TTCATTGCTG CCATAATACT	2820
45	TAATATATAA CGTTCCTGTA GTTAAATTTA TTACGGTCTG ATACATCGTA TAGTGATTGT	2880
	CAGCATCATG CGGACGTACA ATTCCAATCG GTATATTTAC CGCATCTAAT AAATAAAATG	2940
	CATTCAATTA ATCCATTTCT TTATCATTGT TTTGAGCAAT GTTTGCTTTC ATAAATGCCA	3000
50	TTCTCACAAA GCGCTCAGTT GAAGTAAATC CACCTGGCAA TCCAAATGTA CCTGCTTCAT	3060
	TGCCTAAAGG TTCAATCGTT ACACCTTCCA ATAAATTTGC TGTGCTGGA TAAGGAGAAA	3120

55

## EP 0 786 519 A2

	CACCAATAGG ATTATCTTTT ATAACCACTT CACCCTCTTT AAATGAAACT TCGACTGTAT	3240
	GTCCAGTTGC ATCGGAAACA TGATAATGCA ATGGCGGAAC TTCACCGATG TCATTTAAAT	3300
5	ATACAGCTAC AACATGTATT TGGGATGCTT GTTGTTTCAT ATCTTCAATG CTTGTTGTAT	3360
	ATCCCAAAAT CCATGTCACA ATTTCATTTT GCGTAATATT CATCGCGTCC GCTTTGTGTG	3420
	TTGATCCATA TGAACATAA CCTCGGAAAT ATTGTGTTGA AATGGCAACG CcATGtCAT	3480
10	TAACACCATC ACCATAAATA AAACCTTCCA TATCTGTTCC TGTGCCAATA AAGCCATATT	3540
	GCGTTTGGCC TGTGCTGCCA GTGCAAGATT TCCAACGATA ATTTCTAGGC GTCACGTCTG	3600
15	GCGAACCATC TAATGGATAA TCATAATCCA TCGTGCGTCC AAGAAGTACT TGATTATTTA	3660
	AAGTTTGTAT TGTGAATCCT GTGCACATTG TTCTCACTCC TCTGTACCTT CATTTACTTT	3720
	AATCACTTTC AAATAAAGCT GTTTCACCTA AACATACTAT AAAAAATCAA TTATACAAGC	3780
20	AATTAATTGA TATTCATTCT CAATAACTGT GGTATGATAT GTAAGGAAAT CATGACTTAT	3840
	GTGTGAGTGA ACGATCATCT ATACATCCGT TCACTTCATC TCATGACTTT CTATATTTAA	3900
	TTTTTACAAG GAGTGACATC TGTGAATAAC ACACAATCTT CACCACGCAG TAATATTATT	3960
25	ATTGCGATTA TGTGTCTGCG ATTAACATAT TGGTTGTTTG CACAATCATT TATTAATATA	4020
	GGACCTCTCG TTGGTCAAAC ATATCAAACC TCTCCTGCCG TGTAAATTT ATCTATTAGT	4080
	TTAACTTCCT TCGCCACAGG TATCTTCATG GTGGCTGCAG GTGATATTGC TGATAAAATA	4140
30	GGACAACTGA GAATGACATA CATGGGTCTC ATAATCAGTA TGTTCGCATC TCTTCTATTA	4200
	ATTATATCGG ACATCACTGC ACTGCTCATC ATCGGTAGAA TTTTACAAGG TCTATCAGCA	4260
35	GCTATCTTGT TACCTTCAAC AGTTGGCGTG TTAAATAATC AATTTAAAGG AGAACATTTA	4320
	AGACGAGCGA TTAGTTATCT AATGATTAGT ACTGTTGGTG GCATCGGCCT AGCTGGTGTT	4380
	ATCGGCGGTT TAATTGCCTC AAATTTCGGA TGGCAAACGA ATTCATCAT TAGTATAGTC	4440
40	ATTGCTTTCA TTGCCATATT GCTTCTAAAA GGCACACCTG AAAAAGTAAG TCAACATAGC	4500
	CACCGTCATC CATTCGATTA CAAAGGTATG TCGATTTTCG CTGTTATGAT TGGTAGCTTT	4560
	ACATTATTGT TAACACAAGG ATTCGAACAA GGTGTTGTTA GTACATTTTC AATCATTTGT	4620
45	CTGAGCATTT TTATCaTCAc TACGTTGATA TTCATCATCA TCGAACGTCG ACATGAAGTA	4680
	CCTTTTATTG ATTTCTCAGT ATTACGCAAC CGTCCGTTCA TTGGTGCATT TTAAATAAC	4740
	TTTGTTTTAA ATAGCGGTCT AGGCGTAACA GTGGTCTTTT TCATATATGC TCAAACACAC	4800
50	CTTGGTTTAt CAgcTGCGCA ATCTGGACTT GTTACATTGC CATATGCCAT TGTGGCAGTT	4860
	GCGATGATTC GTTTAGGTGA AAAAGCAACA TTACGTTTCG GTGGCAAATT GATGCTCATC	4920

55

	TCACAATATG TCATTGCAGT TATCATTGGT TTCGTCATAT GTGCGATAGG TAATGGTTTA	5040
	GTCGCAACAC CTGGACTTAC GATTGCAATT TTCAGTATGC CTAATGAAAA AGTTGGTTTA	5100
5	GCTACAGGAT TATATAAAAT GAGTGGTACA TTAGGTGGCT CCTTTGGTAT AGCACTAAGT	5160
	ACTACAGTTT TCAGTATGTT ACAACTAAAC TATGCACCAA GTGTAGCTGC AACCGTAACA	5220
	TTTATAGTCA GCATTGTATT GATGATCCTT GGCTCATTGT CTGCATACAT GATCATTCCA	5280
10	AAAACAGTTA AATCTTAAAT ATAATAGAAG AATTATGTTT CGAAATATCT TTATCACTTT	5340
	AAAATGATAT ACAAGAAATC CAAGAAAAAT AAGCGAACTG AATAAAATAA GATTCAATTA	5400
15	ACGCATCAGT ATTAGGATTC ACTCTAAAAC GATTAATAGT TTTATAAGAA GGTGTTTGAT	5460
	CTTGAGCTAA CCACATCATT CGAATACTGT CATGAAGTAA TTTCTCTATT CTACGACCAG	5520
	AAAATACAGA TTGAGTATAT GCATATAAGA TGATTTTTAA CATCATCTTT GGATGATAGG	5580
20	ATGTTGCGcC ACGATGATGT CTGAATTCAT CGAATTTGCT ATCAGGTATC GTTTCAACAA	5640
	TTTCATTAAAC ATGTCGCGAA ATATCATTTT GAGGAATTCT AACAGAAAGT TTTATTGGTA	5700
	GTGTAAGTTG GGCAAAGTGT CTTATTTTTT TAAAGTATTT CAAAGTAAAA TTACATGTTA	5760
25	ATACGTAGTA TTAATGGCGA GACTCCTGAG GGAGCAGTGC CAGTCGAAGA CCGAGGCTGA	5820
	GACGGCACCC TAGGAAAGCG AAGCCATTCA ATACGAAGTA TTGTATAAAT AGAGAACAGC	5880
	AGTAAGATAT TTTCTAATTG AAAATTATCT TACTGCTGTT TTTAGGGAT TTATGTCCCA	5940
30	GCCTCTTACT CTAATTATAT TCACTATCAA TTAGACAAAA TGGCCATTTT CAAATATCAC	6000
	GCGTTGTTTC TGACCTTGAA TATATTTATT ATAATTCTCT TTTGAAAAT CAGTTAACAT	6060
35	TAATTTAGAT GTACCGTATT TTAACACTTT TTGCATTGTT TCTATTCTCA TTTTCTAA	6120
	TAACCATCCA TCTTTTAACA CAATACGATT AACAGCATCA TATGATAATT CTACTGTTTC	6180
	TTTAATTTCA AATGTCTTGA ATGAAATAAT CGTGACATT AAAACGTAT CACCAAAGTA	6240
40	ATAAACATCT AAATCATCAC GTTTATGTTG TCCAACAAAC AAACGACCAT ATTCGAACTC	6300
	TTTTCTGGA TATTTCAATT CTAAAAAAT AATAATCTCT TCTTCTTTA ATTTGAATTG	6360
	CATTTAAAAA CATCCTCTCT TAAGTTTAA CAAGCCTTAA TTAAAAATTT TTTCAATCAC	6420
45	ATAGTTCAAT ATACATCATT TCGTTATGTT TTTTAATACT TTGTTCAAAA ACAAATATTT	6480
	TATTCTTTAA AATAATGACT TTTGTATTTT TAATCACAAT AAACATTTTA AAATCTTGT	6540
	TATCATAATC ATTAAGAGGT ATTAACCTTA ATAATATATT CTCTCGTCTC AACCTTAATC	6600
50	GTATACTTCA GACGTCTGTT TGTAACAAT AAAAGTCATT CACGTCTTCA TATGTCATCA	6660
	AATGTTTATC ATGATATGAT GAATATAATA ATCGGGTATA TAACTGTATG ATTAATTACA	6720

55

## EP 0 786 519 A2

	TGGTGTATCA GTTACAACG TGTCACATAT TTTAAATCAT AATGATAGTC GTTTTTCCGC	6840
	AACAACGATA AAAAACGTAC ATGCTGTTTC AGAACGTTTA GGCTATGCCC CTAATAAACA	6900
5	TGCAAAACAA TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC	6960
	AAATCCGTTT TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA	7020
	TTTATGCTTT TTAACATCTA CAGCAACTGA TTTGTATGAC AATATTAAAC ATTTAATTGA	7080
10	TCGAGGTATT GACGGATTAA TTATCGCACA ATACATATCA TCCCCGGACG CCCTAAATAA	7140
	CTATCTAAAG AAACATCATG TACCTTATGT CGTACTGGAT CAAAATGACC ATCAAGGCTA	7200
	TACAGATTTT GTTCGGACAA ATGAATATCA AGGTGGACAA CTTGCAGCAC AACATTTAAT	7260
15	AGAACTCGGT CACAACCATA TGATAATTGT TGCACCATAT GACATGATGG CGAATATGTC	7320
	GACTCGTGTC GCTGGATTTG TCGATACTTT GCGCGCGAAT CAATTGCCAG AACCACAAAT	7380
20	CGTCCATACT GAATTATCTA AGCGCGGTGG GCTAACCATT GTTGATGACA TCATGGTTCA	7440
	ATCTGCCACT GCAATCTTCG CTATTAACGA TGAACTCGCT ATTGGCATT TACGAGGACT	7500
	AATTGAACAT GGCATCAGTA TCCCGAAAGA TATCTCATT ATAGGTTATG ACGACATTGA	7560
25	TTATGCAGCG TACGTCTCGC CACCTTTAAC TACTGTGGCA CAACCTATAA CTGATATTGG	7620
	CAAAACATCT TTAACCTTAT TACTTCAACG ATTACAGCAC TTAGATAAAT CCATTGATAT	7680
	GATTGAATTA CCAACGACTT TAAAAATTCTG TGCAACAACT GGCTATCATC TTTCAAACCTA	7740
30	ACTACGTATC TTCCGAAATA TACTCATCAT TGTTAGGCCC TTAGCGTTGC TTTAATGCTG	7800
	AGGGTTTTTA ATCATAATTA TTTTACTAAG AAATTAAAT AATAATGTAT GAATTTTTAA	7860
	ATATGATTTA AACGTTTTCA GTTTTTATGA AAACGCATGC ATTTTACAAA TAAAAATGGT	7920
35	ACGATGGCAC TGGTAAACG TTTTACTAAA AACAAATCAT GAGGTGTATA ACATGAGCAT	7980
	TGTTGCATTA CTTATCGGGT TAGGCCCCCTT AATTGGCTGG GGCTTCTTCC CAACAGTCGC	8040
40	TTCAAAGTTT GGTGGTAAAC CTGTACATCA AATTATCGGT GCTACTGTAG GTACGTTAAT	8100
	CTTCGCTATT TTATTAGCCG TAGTCACATC AAGTGGCTTC CCTACTGGAA CCAATTTGCT	8160
	ATTCGCCTTA TTATCAGGTG CAGGATGGGG ATTCGGACAA ATCATTACAT TTAAAGCGTT	8220
45	CGAATTAGTC GGCTCATCTC GTGCCATGCC AGTCACAACA GCATTCCAAT TATTAGGCGC	8280
	ATCTTTATGG GGTGTCTTTG CATTAGGAAA TTGGCCAGGC ATTGGTCATA AAATCATTGG	8340
	ATTTACAGCT TTAGTCGTTA TTCTAATTGG AGCGCGTATG ACAGTTTGGA GTGAACGCAA	8400
50	AGAAGCAAGT AACGCCAAAA ATTTACGTCG TGCAGTGGTA CTTCTGTTAA TTGGTGAATT	8460
	TGGATACTGG TTATATTGAG CTGCACCGCA AGCAACTTCT ATTGATGGCC TAACTGCCTT	8520

55

	AGCAGAGAAT CCATTCCGTA ATAAAATTAC GTGGTTACAA ATTATTTTCAG GTTTCTTCTT	8640
	TGCATTTGGT GCTTTAACAT ATCTTATTTT AGCACAACCT AATATGAATG GTTTAGCAAC	8700
5	TGGATTTATT CTTTCTCAAA CATCCGTTGT GCTTGCTACA TTAAGTGGTA TTTATTTCTT	8760
	AAAACAACAT AAAACGTCAA AAGAAATGGT TATTACAATC ATCGGCTTAG TACTCATTTT	8820
10	AGTAGCCGCT TCTGTTACAG TATTTATAAA ATAAGGAGTG TAGATGTCAT GAAAAAATCA	8880
	GCTGTTTTAA ATGAACATAT TTCAAAAGCA ATCGCGACAA TTGGTCATTT TGATTTATTA	8940
	ACGATTAATG ACGCTGGCAT GCCAATTCCA AATGATCATC GTCGTATCGA CCTAGCTGTA	9000
15	ACTAAAACT TACCACGCTT TATTGATGTC TTAGCTACAG TGTTAGAAGA AATGGAAATC	9060
	CAAAAAATAT ACTTAGCAGA AGAAATAAAA GAACATAACC CTACACAATT GCAACAAATT	9120
	AAACAATTGA TTTCATCGGA AATCGAAATC ATTTTCATTC CTCACGAAGA AATGAAAAGT	9180
20	AACCTAGCTC ACCCATTAATA TAAAGGTAAT ATTCGTACTG GTGAAACAAC GCCCTACTCT	9240
	AATATTGCAT TAGAATCGAA TGTTACTTTT TAAAAGTTAT AACTTGAAAG GAGCGTACAC	9300
	ATGACCAACA AAGTTGTTAT TTTAGGTTCA ACGAATGTCG ATCAATTTTT AACAGTTGAA	9360
25	AGATATGCAC AACCAGGCGA AACATTACAT GTTGAAGAAG CACAAAAAGC ATTCGGCGGA	9420
	GGTAAAGGTG CCAACCAGGC TATTGCCACT GCACGCATGC AAGCAGACAC AACATTTATT	9480
30	ACTAAAATTG GCACTGATGG CGTTGCTGAT TTCATCTTAG AAGATTTTAA AGTAGCTCAT	9540
	ATTGATACAT CATATATTAT CAAAACAGCT GAAGCAAAAA CGGGCCAAGC CTTTATCACT	9600
	GTGAATGCAG AAGGACAAAA CACCATCTAT GTTTATGGTG GTGCGAATAT GACGATGACA	9660
35	CCTGAAGATG TTATTAACGC AAAAGACGCT ATAATCAATG CAGACTTTGT CGTGCACAA	9720
	TTAGAAGTAC CCATCCCGGC TATTATATCT GCATTTGAAA TTGCCAAGGC ACATGGTGTG	9780
	ACGACAGTAT TAAATCCTGC ACCAGCGAAA GCATTACCTA ATGAATTATT ATCATTAATC	9840
40	GATATTATTG TGCCAAACGA AACAGAAGCC GAATTGTTAT CTGGGATTAA AGTAACTAAT	9900
	GAACAATCTA TGAAAGACAA TGCCAATTAC TTTTATCTA TAGGCATTAA GACTGTTTTG	9960
45	ATTACGCTAG GTAAGCAAGG TACATATTTT GCTACTAAAA ATCAAAGCCA ACACATCGAA	10020
	GCTTATAAAG TAAATGCGAT TGATACAAC TCTGCAGGCG ACACATTTAT TGGTGCATTT	10080
	GTCAGTCGCT TAAACAAGTC GCAAGATAAC TTAGCAGATG CTATTGATTT TGGTAATAAA	10140
50	GCGAGCTCAC TCACTGTACA AAAACACGGC GCGCAAGCAT CTATTCCTCT ACTAGAAGAA	10200
	GTAAATCAAG TTAAATGAA TCAAACACAG CTATGATATG AAGGTTTAGC ATATAACATG	10260
	CAACATTGCT ATATCATGGC TGTGCTTTTT TATCTTTATA AAACATCATC TATTAGAAAT	10320

55



EP 0 786 519 A2

TTTGTAATCT TTTTAACTTC CAAATTaTCG CATATAAATA TGCTATATTA ATGATAATAA 10440  
 TTATCAATTA AAAGGAGGTT ATGCTATGTC TAAAGAAGCT GGTCATACAT TTTTAGCTAA 10500  
 5 ATTAGGAAAA ACTCGTCTAC GCCCCGGTGG TAAAGAAGCA ACAGATTGGT TAATACAACA 10560  
 AGGGGCATTT TCACAAGATA AACAAAGTGT AGAAGTGGCA TGTAATATGT GCACAACATC 10620  
 TATTATCTA GCTCATACAT ATGGCTGTCA CATTCAAGGC GTTGATATAA ATAAGAAAGC 10680  
 10 ATTAGAAAAA GCACAGGAAA ACATTTTCAGC AGCAGGTCTT GAATCATATA TTCAAGTTCA 10740  
 ACAAGCGAAT GCTGTAAAT TGCCCTTTGA TGACAATCAA TTCGATATCG TTTTAAATGA 10800  
 15 AGCAATGTTA ACAATGTTAC CCATCGCCAT AAAGGAAAAA GCATTACGCG AGTACTACCG 10860  
 AGTCTTAAAG CCTGGGGGTA TCTTGTTAAC ACATGATATT GTCATCGTTA ATGAATCACA 10920  
 TGCCACACAT GTTGTTAAAT CATTATCTGC AGCAATTAAT GTCAATGTCT CACCGCAGAC 10980  
 20 GAAACTTGGC TGGTTAGATT TATATAATCA AGCTGGTTTT AATCATGTGC ATTATCATAC 11040  
 TGGTCCAATG AGTTTAAATGA CACCAAAAGG TTTAATTTAT GACGAAGGTA TTGTTGGAAC 11100  
 TATAAAGATT ATCAACAATG CTTTGAAAAA AGAAAATCGA CCAATGTTTT GTAAAATGTT 11160  
 25 TAAAACGATG ACTAAATTGC GTAAAGATAT GAATTATATT ACTTTTGTCTG CTAAAAAAGA 11220  
 GCACTAAATA TAATGCCACT AACTGTACTT TGTATCTATG TTTGACTATC ACTTTAATTT 11280  
 CTTTGTGACA CTAATCATCT ACTTAACAAT ATCGTTATCG TTGATTAGTA AGTCATCAAT 11340  
 30 TTTGGTTAAA GACTTTTCATA AACACTCAAA CATTAACTACT ATACATAGTT AGTGGcATTA 11400  
 TTTTTTyCTn AAAATTTTAA CmTCmCGGGr TtGGGAmCrG AAaTGrtAwT TcGCrMAaTt 11460  
 35 TAwTcT 11466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 445:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2176 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 445:

TTACATAGTT AACACTAGTT AATCTATTAG TTAACATTAG TTAATAATTA GTTAATTTCC 60  
 ATTTGTATTC TCATGTGATA AATTCTAAAA GCATACaATA AATTTAATAT GTAAAAAGAA 120  
 AGGGAATACA CATGAAAAAT AAATATATCT CGAAGTTGCT AGTTGGGGCA GCAACAATTA 180  
 CGTTAGCTAC AATGATTTCA AATGGGGAAG CAAAAGCGAG TGAAAACACG CAACAACTT 240

EP 0 786 519 A2

	AAGTATTACA	TCTAAAAGGT	ATCACAGAAG	AACAACGTAA	CCAATACATC	AAAACATTAC	360
	GCGAACACCC	AGAACGTGCA	CAAGAAGTAT	TCTCTGAATC	ACTTAAAGAC	AGCAAGAnCC	420
5	CAGACCGACG	TGTTGCACAA	CAAAACGCTT	TTTACAATGT	TCTTAAAAAT	GATAACTTAA	480
	CTGAACAAGA	AAAAAATAAT	TACATTGCAC	AAATTAAAGA	AAACCCTGAT	AGaAGCCAAC	540
	AAGTTTGGGT	AGAATCAGTA	CAATCTTCTA	AAGCTAAAGA	ACGTCAAAAT	ATTGAAAATG	600
10	CGGATAAAGC	AATTAAAGAT	TTCCAAGATA	ACAAAGCACC	ACACGATAAA	TCAGCAGCAT	660
	ATGAAGCTAA	CTCAAAATTA	CnTAAAGATT	TACGTGATAA	AAACAACCGC	TTGTAGAAA	720
	AAGTTTCAAT	TGAAAArGCA	ATCGTTCGTC	ATGATGAGCG	TGTGAAATCA	GCAAATGATG	780
15	CAATCTCAAA	ATTAAATGAA	AAAGATTCAA	TTGAAAACAG	ACGTTTAGCA	CAACGTGAAG	840
	TTAACAAAGC	ACCTATGGAT	GTAAAAGAGC	ATTTACAGAA	ACAATTAGAC	GCATTAGTTG	900
20	CTCAAAAAGA	TGCTGAAAAG	AAAGTGGCGC	CAAAAGTTGA	GGCTCCTCAA	ATTCAATCAC	960
	CACAAATTGA	AAAACCTAAA	GTAGAATCAC	CAAAAGTTGA	AGTCCCTCAA	ATTCAATCAC	1020
	CAAAAGTTGA	GGTTCCTCAA	TCTAAATTAT	TAGGTTACTA	CCAATCATTa	AAAGATTCAT	1080
25	TTAACTATGG	TTACAAGTAT	TTAACAGATA	CTTATAAAAG	CTATAAAGaA	AAATATGATA	1140
	CAGCAAAGTA	CTACTATAAT	ACGTACTATA	AATACCAAGG	TGCGATTGAT	CAAACAGTAT	1200
	TAACAGTACT	AGGTAGTGGT	TCTAAATCTT	ACATCCAACC	ATTGAAAGTT	GATGATAAAA	1260
30	ACGGCTACTT	AGCTAAATCA	TATGCACAAG	TAAGAAACTA	TGTAAC TGAG	TCAATCAATA	1320
	CTGGTAAAGT	ATTATATACT	TTCTACCAA	ACCCAACATT	AGTAAAAACA	GCTATTAAAG	1380
35	CTCAAGAAAC	TGCATCATCA	ATCAAAAATA	CATTAAAGTAA	TTTATTATCA	TTCTGGAAAT	1440
	AATCAATCAA	AAATATCTTC	TCTAGTTTTA	CATCATTTTT	TAAATAATTT	TCGTAACAAA	1500
	CCGTGATTAA	AAAGAACCGT	TGATTCTCAA	TCGAATCTAC	GGTTCITTTT	TCATTTTCCA	1560
40	TCAATTAAAT	GCTTCTTCGC	TATTTGTCAG	CCCACITTTT	TACCTGCAAC	TTGTTAAATA	1620
	ATCCTTACAT	CGTTAACGAA	TAGTTCATCA	TTTAGTTGAA	TCAGCTCAAC	TTTATTAAct	1680
	TCATATTTTC	ACAAACTATT	GCGCAATCCA	TTCTTTTCC	ACTACAAGCA	CCATAATTAA	1740
45	ACAACAATTC	AATAAAATAA	GACTTGCAAA	GCATAGTTAT	GTAGCTATAT	AAACGCCTGC	1800
	GACCAATAAA	TCTTTTAAAC	ATAACATAAT	GCAAAAACAT	CATTTAACAA	TGCTAAAAAT	1860
	GTCTCTTCAA	TACATGTTGA	TAGTAATTAA	CTTTTAACGA	ACAGTTAATT	CGAAAACGCT	1920
50	TACAAATGGA	TTATTATATA	TATGAACTTA	AAATTAAATA	GAAAGAAAGT	GATTTCTATG	1980
	ATTAAAAAtA	AAATATTAAC	AGCAACTTTA	GCAGTTGGTT	TAATAGCCCC	TTTAGCCAAT	2040

55

CmTyCAAArG AcACaGACAT TACTAGCCAA CGATTTAGCT ATnACTCCAA ACCTTCCATT 2160  
 GGATTGGTA AAGGnT 2176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 446:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 446:

AAAAGCATGG CTTAAATGAA GTACGCTATA ACAAATTACA AGAACATGCT ATTGTTATGC 60  
 ATCCGGCACC TGTGAATAGA GGAGTAGAAA TACAAAGCGA TTTAGTAGAA GCTTCAAAAT 120  
 CAAGAATTTT TAAGCAAATG GAAAATGGCG TTTACTTAAG AATGGCAGTC ATTGATGAAT 180  
 TATTAAAATA GGTAAGGGGA CGAAAATGAT GAAATTAATT AAAAAACGGTA AAGTATTACA 240  
 AAATGGCGAA TTACAACAAG CAGATATTTT AATTGATGGT AAGGTAATTA AACAAATTGC 300  
 ACCTGCAATT GAACCAAGCA ATGGTGTGTA CATCATAGAT GCGAAAGGTC ACTTTGTGTC 360  
 ACCTGGATTT GTCGATGTTT ATGTTCAATT ACGTGAACCT GGTGGTGAAT ATAAAGAGAC 420  
 AATTGAACT GGTACTAAAG CTGCTGCTAG AGGCGGATTT ACAACTGTAT GTCCAATGCC 480  
 TAACACAAGA CCGGTACCAG ATTCTGTAGA ACATTTTGAA GCTTTACAAA AATTAATCGA 540  
 TGACAATGCT CAAGTACGTG TATTACCTTA TGCTTCAATT ACAACACGTC AATTAGGTAA 600  
 AGAATTGGTT GATTTCCAG CACTAGTAAA AGAAGGTGCC TTTGCGTTTA CAGATGACGG 660  
 TGTAGGAGTA CAACTGCAA GCATGATGTA TGAAGGCATG ATTGAAGCTG CAAAAGTAAA 720  
 CAAAGCCATC GTAGCACACT GTGAAGATAA TTCATTAATC TATGGTGGTG CAATGCATGA 780  
 AGGGAAACGC AGTAAAGAGT TAGGTATACC AGGTATTCCA AACATTTGTG AATCTGTTCA 840  
 AATCGCAAGA GATGTACTAT TaGCTGAAGC AGCAGGTTGT CATTATCATG TATGTCATGT 900  
 TTCTACTAAA GAAAGTGTTA GAGTCATTCG TGACGCTAAA CGCGCAGGCA TTCATGTTAC 960  
 AGCTGAAGTT ACACCACACC ATTTATTGTT AACAGAAGAT GATATTCCTG GTAATAATGC 1020  
 CATTTATAAA ATGAATCCAC CATTGAGAAG TACTGAAGAT AGAGAGGCTT TGTTAGAAGG 1080  
 GTTACTAGAC GGTACAATTG ACTGTATCGC AACAGAcCAT GCACCACATG CACGTGATGA 1140  
 AAAAGCACAA CCAATGGAAA AAGCaCCATT CGGAATTGTT GGTAAGTAAA CAGCATTCCC 1200  
 ATTATTATAT ACGCATTTTG TAAAAAATGG TGATTGGACA TTACAACAAT TAGTAGATTA 1260

TTATGCAGAT TTAACAATCA TTGATTTAGA TAGTGAACAA GAAATTAAAG GAGAAGATTT 1380  
 CTTATCAAAA GCAGATAATA CACCATTAT CGGCTATAAA GTTTATGGAA ATCCGATCTT 1440  
 5 AACAAATGGTT GAAGGCGAAG TTAAATTTGa GGGGGATAAa TA-TATGCAA gCAAACGTTA 1500  
 TCTAGTGTTA GAAGACGGTC TTTTACGAGG CTACCGTTAG GTCTGATAAC TTA CTGA 1557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 447:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1799 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 447:

20 GCTAGAAATm TTGmATGaCA ATACAACCTCT GTTAAaTGA TGGACGTAGA CAAATATGCG 60  
 TATTGACGCT TTATTTTAAA AATTaACATG CTTATAACAT GTTTATAGAA GGAGATTAAC 120  
 CTATGAAC TAaAGTTCTT TTATATTATA AATATATGAC GATTGATGAC CtGAACAGTT 180  
 25 TGCTCAGGAT CACTTAGCCT TTTGTAAAGC ACACCATTTA AAAGGTAGAA TTCTTGTTTC 240  
 TACAGAAGGT ATTAACGGCA CATTATCTGG TACAAAAGAA GAAACCGAAC AATATATGGC 300  
 ACATATGCAT GCCGATGAAC GATTCAAAGA TATGGTGTTT AAAATTGATG AAGCTGAAGG 360  
 30 ACATGCTTTT AAGAAAATGC ATGTACGTCC TCGAAAAGAA ATCGTTGCTT TAGATTTAGA 420  
 AGATGACGTC GATCCAAGAC ACACAACCTGG CCAATATTTA TCACCTGTAG AATTTAGAAA 480  
 AGCTCTTGAA GATGATGACA CAGTCATTAT TGATGCACGT AATGATTATG AATTTGATT 540  
 35 AGGTCATTTC CGAGGTGCAA TTCGTCCAAA TATCACACGT TTTAGAGATT TGCCTGACTG 600  
 GATTAAAGAG AATAAAGCGT TATTTGCAGA TAAAAAAGTG GTTACGTACT GTACTGGTGG 660  
 CATTGATGC GAAAAATTTT CTGGATGGCT TTTAAAAGAA GGTTTCGAAG ATGTAGCTCA 720  
 40 ACTTCATGGC GGTATTGCTA CATATGGTAA AGATCCTGAA ACAAAGGTG AATATTGGGA 780  
 CGGTAAAATG TACGTATTTG ATGACCGTAT CAGTGTTGAT ATCAACCAAG TTGAAAAnAC 840  
 AATTATTGGT AAGGATTGGT TTGATGGCAA ACCATGTGAA CGTTATATTA ATTGCGCTAA 900  
 45 CCCAGAATGT AATAAACAAA TATTAGTTTC TGAAGAAAAC GAACTAAAT ATTTAGGTGC 960  
 ATGCTCTTAT GAATGTGCTA AACATGAGCG TAATCGTTAT GTTCAAGCAA ATAATATTAG 1020  
 50 TGATAATGAG TGGCAACAAC GTTTAACAAA CTTTGATGAT TTACATCAAC ATGCTTAGTT 1080  
 TTAATTAAAT ACCTTTCAAA ACACGCTTTG AAAATCCGAT TTATAAAGGT TTTTCAAGGC 1140

EP 0 786 519 A2

TAAATTTTAA TACTGCGGGG TGTCTTAAAA TGCACATTTT AGTAACAGGG TTTGCGCCTT 1260  
 TTGACAATCA AAATATCAAT CCCTCATGGG AAGCTGTGAC TCAACTAGAA GATATTATTG 1320  
 5 GCACACATAC AATCGATAAA TTAAAACTAC CAACCTCTTT TAAGAAAGTA GATAATATTA 1380  
 TAAATAAAAC GTTGGCATCT AATCATTATG ATGTTGTACT AGCTATAGGA CAAGCTGGTG 1440  
 GTAGAAATGC CATTACCCCA GAACGTGTCTG CCATTAAATAT TGATGATGCA CGTATTCCAG 1500  
 10 ATAATGATGA TTTTCAACCT ATTGATCAAG CCATTCACTT AGACGGTGCG CCAGCTTATT 1560  
 TTTCAAATTT ACCaGTTAAA GCAATGACTC AAAGTATTAT TAATCAAGGA CTTCTGGAG 1620  
 CACTTTCAA TAGCGCAGGT ACATTTGTTT GTAATCACAC ACTTTATcAC TTAGGTTATT 1680  
 15 TACAAGATAA GCATTACCCT CACCTACGAT TCGGATTAT TCaTGTGCCA TACATACCAG 1740  
 AGCAGGTcAT TGGTAAACCC GATACACCAT CTCATGnCCA TTGAGGAAAA GATnAGTTG 1799

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 448:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1341 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 448:

ACTTGGTTTT TTATTGTTTA TAAATAAAAC TCACTTAATA ATGTTTTTCAT AATCTTCTTC 60  
 GACTACTTAA TTCTTTAAGA TATTCGTGAA AAGAGACATT ACACTAGTTA ATTTTCAAAC 120  
 AATACAAAAA GCGTCTACCT CCTACATATA ATTGTAGCGG AGATAGACGC TTAATATTTA 180  
 35 TTIAAAAATT ATTTTAAACC ACCGAATGTC ATAACATCAC GGGCAATCAT ACTTTCTTCA 240  
 TCTGTTGGAA TAACGACAAC TTAACTGGT GAATGAGGAT AGTTAATAAA TCCTTCTTTA 300  
 CCACGTAGTA AGTTTTCAAT TTTCTTAGGA TCCCAGTAAA CACCCATAAA TTCTAAGCCT 360  
 40 TCAAGAACTT TCGCACGAAT TTCTACTGAG TTTTCACCGA TACCTGCTGT AAATACGATA 420  
 ACATCAACAC CATGCATTCT CGCAGCATAT GATCCAATAT ATTTGTGAAT TTTAGAAGCA 480  
 AATACATCTA AAGCCATTTG TGAACGTGCT TTACCTGATT CAGCTTCTTC TGATAAGTCA 540  
 45 CGTAAATCAC TAGATGTACC TGATAATCCT AATAAACCTG ATTCTTTGTT TAAGATTTCC 600  
 AATACTTGTT CAGCAGTTTT ACCTGTTTTT TCCATAATAA ATGGAATTAA AGCAGGGTCA 660  
 50 ATATTACCAG AACGAGTACC CATTGTTACA CCAGCAAGTG GTGTGAAGCC aTTGATGTAT 720  
 CAATAGATTT ACCGCCATCG ATAGCTGCAA TTGATGCTCC ATTACCAATG TGACATGAAA 780

TATGGCTTGT ACCATGGAAA CCATACTTAC GAATGCCATA ATCTTTATAA TAATGATATG 900  
 GCAAGCTATA TAGATATGCT TTTTCAGGCA TTGTTTGATG GAATGCTGTA TCAAAAATTG 960  
 5 CCACATGAGG GATATTTGGT AATAATTTAC GGAAAGCACG AATACCCAtC AAGTTaGCTG 1020  
 GGTGTGaaG CCGTGCTAAT TcGCTTAATT CTTCAATTTT CTTTTCAACC TCATCAGTAA 1080  
 TAGCTACTGA TTCAGGGAAT TTTTCACCAC CATGTACAAC ACGGTGACCT GTTCCATCGA 1140  
 10 TATCGTTAAT ATCATTAAATA ATATTGTGCG CTTTAAAAGC ATCCAACATG ATATCAACTG 1200  
 CCTCAACGTG ATCCTTGATA TCTTGTA CTG TTTTAACTTT TTCCCCGTTG ACTTCAATTG 1260  
 TAAAAATTGA ATCCTTCAAT CCGATTCTTT CTAATAAACC TTTTGTTACT AATTCCTCTT 1320  
 15 CAGGCATTCT AATTAAATTGA A 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 449:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1529 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 449:

TTTTGAAGAT ACTACCGATG AAAATAGACA AAAGATTTTT CAATATTTAT CACCTGAaG 60  
 30 AGTTGCAAAT TTCTTTGATC AATTAGATAT TGATGACGAT GAATATGAGT TGCTATTTGA 120  
 TAAGATGAAT GCGACATACG CAAGTCACAT ATTAGAAGAA ATGTCATACG ACAATGCAGT 180  
 AGATATTTTA AATGAGTTGA CTAAACCAAA AGTTGCTAGT CTTTAAACAT TGATGAATAA 240  
 35 AGATGACGCG AATGAAATCA AAGCATTACT TCACTATGAT GAGGATACGG CCGGCGGTAT 300  
 TATGACGACG GAgtATTTAT CACTTAAAGC GCATACGCCT GTTAAAGAAG CATTATTATT 360  
 GGTCAAAGCG CAaGCACCAG ACGCAGAAAC AATATATGTT ATATTTGTCG TTGATGATGA 420  
 40 TGGTAAATTA GTAGGTGTTT TATCGCTAAG AGATTTAATT GTAGCTGAAA ATGATGCTTA 480  
 TATTGAAGAT ATTATGAATG AACGTGTCAT TAGTGTGAAT GTAGCAGACG ACCAAGAAGA 540  
 TGTTGCTCAA GTTATGAGAG ACTATGATTT CATGGCTGTA CCTGTTATAG ATTACCAAGA 600  
 ACATTTGCTT GGTATCATCA CGATTGATGA TATTTTAGAC GTTATGGATG AAGAGGCTAG 660  
 TGAAGACTAC TCTCGTTTAG CCGGGGTATC AGATATCGAT TCGACTAATG ATTCAATCAT 720  
 50 TAAAACAGCA TTAaACGTT TACCATGGTT GATTATTTTA ACATTTTtag GAATGATTAC 780  
 TCGGACAATT TTAGGGAGAT TCGAAAAAAC ATTAGAAAAT GTAGCGCTAC TCGCAGCGTT 840

TCGTAACATT ACGACAGGGG AAATTAATGA GCAAAGTAAA TTTAGAATTG CATTAAAGAGA 960  
 AGCAGGAAGT GGTGTATTAT CGGGTGTGTG ATGTTCAACA ATATTATTTA CAATTATTGT 1020  
 5 TGCAATATAT CATCAGCCAC TTTTAGCATT AATCGTTGCA GGAAGTTTAA CTTGTGCGAT 1080  
 GACGGTGGGG ACGTTTGTAG GTTCGATGAT TCCATTATTG ATGAATAAAT TAAATATCGA 1140  
 TCCAGCAGTG GCTAGTGGAC CATTTATTAC AACAAATTAAT GATATTATTA GTATGTTGAT 1200  
 10 TTATTTTGGT TTAGCTACAT CATTTATGGC TTACTTAATT TAAGGAGGAG TTATGGAGTT 1260  
 TTTATCTTTA GTTATTGTTG TTTTAGCAGC GTTTTAACT CCAATAATTG TCAATCGATT 1320  
 AAATATTAAT TTCTTGCCAG TTGTTGTTGC AGAAATTTTG ATGGGGATTG TGATTGGAAA 1380  
 15 TTCATTTCTA AATATAGTAG AAAGGGATTG AATTCTAAAT ATTTTATCAA CGTTAGGCTT 1440  
 TATCTTTTAA ATGTTTTTAA GTGGTTTAGA AATTGATTTT AAAGCTTTTA AAAAAGATAA 1500  
 20 ACGCGCACGT CAAGGACAAA ATGATGATG 1529

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 450:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1827 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 450:

TTCTGGAAAC CAAAGTATTG TCATCTTCTA CTAGTAGTAT nGGCATCCAT ATCACCCTAAT 60  
 ATCATTTAGT ATATTTTATA TTTTCTCCTG ATTTTAATCG ACTTTGAAAA TCTTTAATCC 120  
 35 GGCAGTCAAC TTCAAAGCCA TGAATCATCA TTTTTTGCAT TGGTGCTTGT ATAAAGTAAT 180  
 AAATCGGCCA AAATAATCGA GGGATATAAT CGTATAGATG TATATAAAG ACTGCCGACT 240  
 CTTTGATTAA TCTAAATTCT AACTTCCCTT GATTAAGTGT ATATTTTTTC ACTAAACTTC 300  
 40 CACTCAATAA AATTAAAGTT ATTATTCCAT CAGCTGTTTC TTCTATTTTA AATACTGCGA 360  
 GCGGTGCGAC CTTATTCTTA ATATATATCT TAAATTGATC ATGTGATTTT TCTGTTTTCA 420  
 45 CAAAAGTTCC TTTAGTGTA CCCATCCATG CAATAAAATG GTTTACAACG TTCTTTAATG 480  
 TCCATCCCTT TGGTAAAACT ACCTTCATCG TTGATCTAAC ATCATCATAC TTTGAACTT 540  
 GTAATTCTAC ATTAATAAAA GAACGTTTAA AACTAAATT TGTGTTTCT ACAGGTGTAC 600  
 50 CATATGCACC TAGGCGTTCA ATTGTTTCAT TATCATAACG ACTCCAGGT ATGTAGATTA 660  
 CTTTTTTTAC TTGATTGATA GCCGCTGCTC GACCAAAATT ATCTGCTGCG ATTAATGTTA 720

EP 0 786 519 A2

	CAGCAATATC TATTTGATTC ATTGCTGCAA CAACCTGTTT GTAATGAAAT ATATCACACT	840
	GAATCCAAGT CATTTCAACA TCATCTGTTT KTTTATTGTC TGGATATTTT GATATAGCAA	900
5	AAAGTTCAGC ATCATTTTCA ATCACTTCAC TTAAATACTT ACCAATATAT CCTGTTCCAC	960
	CTGCTAATAA AACTTTAGGT TTCATCTAAA ATACTCCTTT AAAGTGTAA CAAAAACAT	1020
	ATTACTCCAC CTTTTAGTTA CATATATATT ATAATAGTAG CAAATGTTTT AAAATTTCAA	1080
10	AATACTGGAG GCTTTTTATG GCCCATATTA TACGTAGAGT TAGTATCAA GATGTAGAAA	1140
	ATTTCAATTC AATGTTAGCG AACATATACG ACGAATCTCC GTATATGTTT TACACACCAG	1200
	GAGAATATGA TCCTAGCGTC ACATCGGCTA GTAAACAATT AGAAGAATAT ATCACTTCTC	1260
15	CGCATAAAGT CATCTTCGTT GCTGAAAGTG ATGAACAACCT CGTTGGCTTT GCCTTTGTTA	1320
	ATACGACACC ATTTCAACGC ATTAAACATG TTGCTAAAAT TGATTTAGGT GTAAAGAAAT	1380
20	TATATCAACA TCGTGGAATT GGCCAAGCAC TTCTTGATGC CATTATGGCT TGGTGTTTAA	1440
	ACAATCAAAT ACACCGAATT GAAGCAAATG TACCACTCAA TAACCAACCT GCCCTCGAGC	1500
	TTTTTAAAAG TGCCGATTTT CAAATCGAAG GCGTTTTAAA AGATAAGTTA TTTATCGATG	1560
25	GTAAATATTA TGATGACTAT ATGATGGCTA AAATTCCTTA TTAAAGCTAT TTTATCATAA	1620
	TCTTGATCA GAATCGTATA ACAACGAATT TAATGGTTAC CTAATACATT ACTCATACTT	1680
	ATCAATGTTA TCTAATCTCA AATAAATACG TACACTCTTA TTCATTTATC AAATTTAAAT	1740
30	TCAAAATAnA ACACCACTAA TGTGTAATTG ATTAACATATC AACTACGATT AGTGGTGCTT	1800
	TATATATGTG GTTAGTTTTT CThACTA	1827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 451:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 616 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
40	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 451:

45	ATATAGATTA ATGTTTGTTA TTTGTACTGT GTTTGCCAGT GACATTTATT ATAAAACATA	60
	TGACGTTATT CTATGkTGTA CTCATTtTCT ATATTGTAGG TTTATTAACG ATTAGAAGTA	120
	TTATTAAAAA GTTGAAATAT CAGGAAACAT TATTACGAGA CTAAAAAACT TCCATTGGCA	180
50	TGTATGTTGT AAAGGTGCAT GTAATGTTGA ACGCCAAATG ATACGGCGTT CAGATTACAT	240
	TAGCATCTAT ACGTTAACAG CATAACCAAT GGAAGTTTTC TTCGAATCTA TTCTTTTATT	300

55



EP 0 786 519 A2

AATGCGTCTT TTGAAAAATG GTCATTAAAG GCATCAGATT GCTTAAAGTC TTCGTATGCA 420  
 TGTCGATCAG CAAATCCGAA ATAAATTTTG TATGTTGTAC CTTTAGCAGG TCTTAACAAA 480  
 5 CGATAGCTTT TAAAGCCACC AAAGTTTCTG AAATTATCGT CTACACTAAT CAGTTTCTTT 540  
 TCAAGTTGAT ATGCATGATC TTCTGTTGAT GGaATGAaG TTGCACaATA GAAATGaTGT 600  
 TCACtGAATT CACCAA 616

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 452:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 944 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 452:

GCACGAGTGA TTAAACGGTT AATCAATGAA ACATTTGATG CAAATTACAT TGAAGTTATT 60  
 GAGGGAGGAA TTGAAGAAAC GCAAACGTTA ATTCACCTTAC CTTTGTACTA TGTCTTCTTT 120  
 25 ACAGGAAGTG nAAATGTAGG CAAAATCGTT TATCAAGCTG CCAGCGAAAA TTTAGTTCCT 180  
 GTGACATTAG AAATGGGCGg TAAAtCTCCa GTCaTCGtTG ATGAAACAGC GAATATTAAA 240  
 gTTGCTAGTG AGCGCATTTG TTTTGGGAAA TTCACTAATG CCgGCCaAAC ATGTGTTGCa 300  
 30 CCAGATTACA TTTTAGTACA CGAATCTGTA AAAGATGATT TAATCACAGC CCTATCAAAA 360  
 ACGTTGCGTG AATTTTATGG TCAAAATATA CAACAAAGTC CAGATTATGG CCGCATTGTA 420  
 AACCTTAAAC ATTATCATCG TCTGACTTCA TTACTTAACA GTGCACAAAT GAATATTGTA 480  
 35 TTTGGTGGTC ATAGTGATGA GGATGAACGT TATATAGAAC CAACATTGTT AGATCACGTT 540  
 ACAAGTGATT CAGCAATTAT GCAAGAAGAA ATTTTTGGTC CTATCTTACC GATTTTAACG 600  
 TATCAGTCAT TGGATGAAGC AATAGCCTTT ATTCACCAA GACCAAAACC TTTGAGTTTA 660  
 40 TATTTATTTA GCGAAGATGA AAATGCTACA CAACGTGTAA TAAACGAGCT ATCATTTGGC 720  
 GGCGGCGCTA TTAATGATAC ATTGATGCAC CTAGCGAATC CTAAATTACC ATTTGGTGGT 780  
 45 GTTGGTGCCT CAGGTATGGG ACGCTATCAT GGTAAATATT CATTCGACAC TTTTACACAT 840  
 GAAAAAGCT ACATTTTCAA ATChACACGA TTAGAATCAG GTGTCCATTT ACCACCATAT 900  
 AAAGGTAAAT TTAAATrCAT CAAAGCTTtC tTTAAAnATT AATT 944

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 453:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4820 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 453:

	TCTCCAGTAG ACCTTGTGTA TGAACAGTTT CTTTCATATG AATGAACATC GTTTTTAAAG	60
10	TTTGTTTCAA CTCAGCCTTA TCAGGATAAT ATCTAGAGAC AGTCGTCTCT GGCATCTCCA	120
	TTGTATGATA TTAAACCTTA TGCAGCGACC CATGATTTTC GTTATAAACA AATGTATGAT	180
	TCACCTCATC GAAATCATGA TCTTCTCCTG CAATCCAAA AACTGGTACT ACTTGTGCT	240
15	TATGTGTATC CGTTAATTCC TTAGATAAAG TAATGATTGa AAATATTTTA TGGAAATGIAT	300
	ACAATGGTCC CCGGAAAAGC CCTGCTTGTT GTCCACCAAT CACAACTTTT GAACCATTAG	360
	CTAAATGTTG TATGTTTAAT TCTTGTTTAC TTGAAAGCTT GAAAGCTTTA AATCACTCAT	420
20	ATATTCACGA ATAACATTG CTAAATGCCG TTCTCTTCCA TTATTTTCTT TAGACATCCT	480
	TTTTTCAAAA CTAGTTTGTT GAGCTGCATC ATATTGAAAT AATCCTGTTA TTACAGGGTC	540
	ACTGCTCTTT ATTTTTGGTA TAAACTGATC TTTTTCATTT AAACATACTA CTTTACAGTC	600
25	CATGTTTTTT CTCCTTAAGT ACGCGATTAC AAACATAGT ATAAAGTCTA TACCGGTGAT	660
	TGACAATTTT ACGGCTTGAA AATCAATTTA ATCATGGAAA ATTTATAATA TTCATTGTTT	720
	TACATTTTCA AATCAATGAA AAACACAAGT GGTTTAATGT ATAATAATAG TAGTAAACAA	780
30	ATAAGGGGTA GATAAATATG AGTGAAATCA AACGTCTTGA AATTAATTAC AAAACTGACG	840
	AATTATTGCA AAACCTTTAGA GCGTTTGGCA ACAAAGACTT ATACATGGTC AATGAGTTAA	900
35	ACGGTCAAAT GATTGATGCA AGTTCAGATT CACCATTTTA TGGCATATTT GTCGaGATCA	960
	ATTAGGAGCT AGAATGGCAT TACTAAAAAA AGGTGATGTC GAAGAAATCT ACTTCCCAGA	1020
	TTTTGAAGAT TATATATTAT TATGGAAGTT AGAAGTATTA CCAAATATC AAAACAGAGG	1080
40	GTACGCTTCA GAATTGATTG ATTTTGCAA GAGTTTCAAT ATGCCAATTA AAGCCATTGG	1140
	CAGAAATGAT TCTAAGGATT TCTTTTTACA TCATGGATTT ACAGATGTGG AAGCTAAAAA	1200
	TATAGAGGGA CATGATGTCT TATTGTGGAA ACCATAAGAT AATAATATTC GACACTACGA	1260
45	GCATGAAAAT GCATCTTTTC GTAGTGTCTT TTTTACAATT ACTTTCTTAA GCTAATATAA	1320
	GTaAATCATT TTCAAATTAT TTGTCTTAAC GTACAATATC ATTTAGTTGT TTCCATGrAT	1380
	TAATTTTATA ATCAGGTATA ATTCTGGAT TATGATCAAA TCCTCTAAAa TTAAACCAGC	1440
50	AAGTAGCTAT ACCcGCATTG ATTCCACCTA GAATGTCAGA TGTTAnAGAA TCTCCaACTA	1500
	TAATCGAGTG CTGtCTTTCA TCCTCACCAA TATCATTAaA AACATAATTA AAAAATTCCG	1560

55

## EP 0 786 519 A2

ACGGCGTCTG ATTAAACCTT CTCTTTTGGC TTTGGGTTAC ACCATTAGTA ACAATATATA 1680  
 AATCATGTCT TTTGATAAT TCGACAATTG TTTCTAATGT TTGATCAAAG TATTTAACTT 1740  
 5 TAGCTTCTGC TAATCCATTT CTAAATAACA CATCTGCACG ATGCCCATCA ACTTCCATTT 1800  
 GATGATGTTT GAAGTAATTC ACAAATCGTT CTGATAATAC TTCAGACTTC GkTAATTTAT 1860  
 TTTGktGAAA AGCTTCCCAA TGTGGGTGat TGaTTTTTTTT AAATGkTAAA AAATCATCCy 1920  
 10 TTGTTGCTTT ATGATTAAAA ACATTGCGCA TATAGTGAAn CGCCCATTTCT TCTGcATCAT 1980  
 AAAAAATCAAC AATTGTATCA TCAAAGTCTA TCAAAATATT TTTATATCCC AATTTCCCCA 2040  
 TCTCCTATAT TGTCTATGTA TCTAAATCTT AACAGAGGCT CAAATTTCTG CAAATAAAAT 2100  
 15 AAAGTGAAGT CATAACATTA AAGTATGCTC ACCCAGTTTA TTTTAAAGAA TATTAGTTAT 2160  
 TATATTAGAA TCCAAATAAT TTACCTAGTA AACCCACACC GTTAGCAACG ATGTCTACGA 2220  
 TACTTGTGCC TAATTTTACA CTATCATGTT GTTGTGCAGC TTGCACAGTA TTTGCGATTG 2280  
 20 CTTCTGCTAG TCCAGTCATT TAAATCTCTC CCTCACCTTT GAAATAATAC TGATTACTTA 2340  
 CATAACATAT TGAAATTAGA ATCCGAATAA TTTACCTAAT AAACCTACGC CATTTTCAAC 2400  
 25 GATGCTCACA ATGCTTGTGC CTAATTTTGC GCCATCATTA TTAATTGCTG CAGTTACGGT 2460  
 ATCTTTAATT GCGTTAAATA AACCTTCCAT TGAAAACACT CCTTAAAT TAAATTTGAA 2520  
 GATAACAAAA ACGTGCgTag yTTTTAAATC ACCGAAATGT TATTCGCTTA ACGTTTTGTT 2580  
 30 GTTGTtATTT TAAAATAAAT TTGATGCAAT TAGTTTGTtT ATCCGCACAA CATCTTATAA 2640  
 TGTACTTAAC TGTATTTTAA AGAGAAAAGA AATACAGTTA GGCATTCAA ACTGTATTTA 2700  
 ACACAATTAA GTTGCTGAA TTCGTATTTA AGTCTTATTG AACCTTTTTA GATAAATAGC 2760  
 35 TCTATAATAG TGAAAAATAT AAACATTTTT TATTACAAG GTATTGCTAA TTTAAGTTCA 2820  
 TTTAGATATA ATAATTCTTG TGTGTtAAA CGTGTCTGG TAGCTCAGCT GGATAGAGCA 2880  
 ATGGCCTTCT AAGCCATCGG TCGGGGGTTC GAATCCCTCC CAGGACGTTT ATAGGTATTT 2940  
 40 TTATACGCAT TACCAAACAA AAGAGTTCCG TGATTACGGG GCTCTTTTTG TTTGAATTT 3000  
 CAGTAATATA GTATGATGCG TCACCAAAAC GTCCCCGCA TAAGCCCCGA AAATACAGTA 3060  
 ATTAAAACAA GCATGCTTAT TCGTTATAGA ATTTTTTGAC ACACAATTGA CACGCGTCTG 3120  
 45 AACTTGTtT ATACATTTTT AATTAAAGTAA TTTGTGCTC AAATTTcATC TATACTGCAC 3180  
 CTGAActACA CCAACACTAC ACCAAGATTT TTAACACTCA CCATTTGCAT GCGTAGAGAT 3240  
 50 TTTTATTATT ATATTATTCC TATAGATTTT GATACTATTc AAAATTTTAG GGACTTTTCA 3300  
 GGGGCCCCGAA ATCCTATAAT TATAATTATA TACATCTAAA AAAAATAACC ACGTCCATCG 3360

55

5     ATACTATTGG CAAATTTATA AAGTAGTTCA GCGTTTTTCA ATGACATATT GTCTAATGAT     3480  
        CTTTCATTTT TTCTCATTCT GTGTATTGTG CTTTGTGGAA CTCCTGTTTG TTTCGATATA     3540  
 10     TGTAAACTGC TCAAATCACT GTCTAATAGT TTTTGAATTT GATTTCTCAT TTTGTACACC     3600  
        CCCTTGTAAG TCTTCAATCA TCATTTAAAT TAAATAATTA CTTTTCACCA TATTCCAATA     3660  
        TTTAGGTTGC AAAGCATACC TCAAATATCA TTAATTTTGA GATTTAAATG TCAATTATGT     3720  
 15     GTCTATCAAT CCAATATACA TACTCTAATA ACGTAATAGT ACACACTCTT CTTATTAAAT     3780  
        GGCCATAGCT ATCATGATAT AATTAGTGAA GAAATCACA TAAGAAAGGT TGTAATCAT     3840  
        GAGACTTCAA AAAGCACCTC TAGTAACGTC AGGACTAGTC TTAGGATTAT TAGGCCTGGG     3900  
 20     TAATCTATTA AAAGACTTAT CTCTTACTTT AAACGCTGTT TGCGGAATCT TTGCTTTCTT     3960  
        GATTTGGATT CACCTTTTAT GTACTATGAT CAAATATTTT AATAATGTGA AAGAACAATT     4020  
        AAACAGTCCT CTAGTTTCAT CAGTGTTTAC AACATTTTTC ATGTCTGGCT TTTTAGGTAC     4080  
        TACTTATTTA AATACATTTT TTAGTAACAT AACTTTTATC AATAGCTTAA TAACGCCTAT     4140  
        TTGGATTTTA TGCCTTGTGG GAATTATGAC GCATATGATT ATTTTTTCAA TAAATATTTT     4200  
 25     AAAAGATTTT TCACTTGAAA ATGTTTATCC TTCGTGGACT GTACTTTTTA TTGGTATTGn     4260  
        TATCGCAGGA TTGACGGCAC CCGTTAGCGG ATATTTTTTC ATAGGTCAAT TAACAGTAAT     4320  
        ATATGGCTTT GTAGCTACTT GTATTGTCTT ACCTATAGTT TTCAAGCGAT TAAAAGCATT     4380  
 30     TCCATTGCAG ACGTCAATCA AACCGAACAC ATCGACAATT TGTGCACCAT TTTCTTTAGy     4440  
        CGCTGCAGCA TATGTTATAG CTTTTCCTAA GCGGAATGCT TTTATCGTAA TTATATTTTTT     4500  
        ACTATTAGCT CAAATATTTT ATTTTATAT CATTATACAA TTGCCTAAAT TACTAAAAGA     4560  
 35     ACCTTTTTCG CCCGTATTTT CAGCTTTCAC ATTCCCTTTA GTAATCTCAG CAACTGCTTT     4620  
        AAAGAACAGT TTGCCTGTAC TTATGTkTCC AGACATTtGG AAAGGkCTTT TGTTTATCGA     4680  
        AGTGTtATTA GCCACTGTAA TAGTACTTAG AGTCTTTATA GGATATCTTC ACTTCTTTTTT     4740  
 40     AAAAAAGGAA AAACAAGATA AATTTCTnCG TAATGCGTCT CAGTAACACT ATTACCAAGA     4800  
        ATTAACACGT ATATTTAATA     4820

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4358 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## EP 0 786 519 A2

	ATTTGGATCT TTAATATCAC CAATATTTTT AATATCTTCC GGATTCAATC CATATACTTG	60
	TACTGTATCT GAGTATTTAA TTGTGAAATA ATCACCTGAT TTAACCTTGT CATCAACTGT	120
5	AATTTGTGAT TTTAATGATA AATAATCTTG GGCTGGTACG ATTTTATTGT TTTTATCTGC	180
	ATCAACGACA GTtAATGTTG TATTTGATGT GATTAAATCA TTAACATTTT TAGCCTCTGT	240
	TGATGATGGC TGTACTGCTG CTATACGCAT TCTTGTATT C AAACGTTTAG GTGCTGTACT	300
10	TTTTGGCAAA ATGATATCTG CATTATTTTC ATTATTTGAA TTACTATTGT TATCAACAAG	360
	AGTTTCATCA TTACTCTTGA TAGCATCACT TTTAACATTT AATGTAGTTG ATTCAGTTTT	420
15	GGCATCTACC TTTTGTTTTT CCTCATTAGT TG GTTGAACA TTTACCACTG ATTTATTCTC	480
	TTGCAAATCA GGTGTGAACG CTTCTTGATT ACTTATAGTT TGTTTAGTGT TTAAATCTTC	540
	ATTCGTAGAT TTTGGTGAAG CTTGCTCATC TGATTTGGCA GTTGAAACTT CAACTTTATT	600
20	TCCAGTGGTA GATTGTACAC TTTCTTTTTT TATTAATTTA TTCCCATTTG AAGTCGTTTC	660
	ATTACCTTGA GATGATACCA TTTCTTTTTG ATTATCATTT TTAGTATTGT CTTCTTGATT	720
	TAGTTGCTGC ATATCAACTT TATCACTCGA TTGATTATCA CTTGCTGAAG TTGTCGCTcG	780
25	TTCAATTCTT TATTAGTACT TTCTGCAGCC TTTGCTTCTT GGTTCCCCAG ACCAAAAATT	840
	AATGTTGTAC CTACTAAAT TGATGCTGTT CCCACTGTGT ACTTTCTAAT CGAAAATTTA	900
	TTTAATCGAT TGGATACCAT GCCTTTCCTT GTTATTGCCG TTTTATTTTC TCTGTTTAGC	960
30	ATTAGATTAC TCCTAATTCA TCAAATTTTT AAATAATACA ATTGTTTTAA ATACAAAAAT	1020
	GTATATCAAT ATAGTATTAC ATTTTTAGAT AAAGCACAAT ACTTTAATTA TTTTCTTTA	1080
	TCGTAAAACG TTATTTAACA TTTGTGTTTA AATAAAAGTT TTTATGAGTt TTGTAATCTT	1140
35	TATTTAATCA TCATAAAAAA TAGTATTATT TGCCCTTGAA ATTAATATCT TAGCTTTTCT	1200
	AATTCATAGA CAATTACATT TCTGTAACAA ATTAAATTGT ATCTATTCCT TAAAGATTTT	1260
40	TTGTTTTATA TCTGGGAATT TCTAAACAGA AAAAACCAGG CCACATGGAC CTGGTTAAGT	1320
	TAATCATATT ATTTATTTTG TTTTTTACGA CGACCGAATA ACAATAATGA TCCTAATGCC	1380
	GCGAATAATC CACCGAATAA TGTGCCATTA TTTGAATTAT TATTTTCACT ACCTGTTTCT	1440
45	GGTAATGCTT TAGCTGTTTT ATGCTGATCT TTAACCGTAC TCATTGGTTT AGCCGGAGTA	1500
	TGTTTACCTG CATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAATCTG AGTCGTTGTC TGAGTCCGAA	1560
	TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTGTCTGAA TCTGAATCGC TATCCGAGTC TGAGTCGCTA	1620
50	TCTGAGTCTG AGTCGCTATC TGAATCTGAA TCGCTGTCTG AGTCTGAATC GCTATCTGAG	1680
	TCTGAATCGC TGTCCGAATC TGAGTCGCTA TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAATCTGAG	1740

55

	TCTGAATCTG AGTCGCTGTC TGAATCTGAA TCACTGTCTG AGTCTGAGTC GCTGTCTGAG	1860
	TCTGAATCGC TGTCAGAATC TGAGTCGCTA TCTGAGTCTG AATCTGAATC ACTGTCTGAG	1920
5	TCCGAATCGC TATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAGTCTG AGTCGCTATC CGAATCTGAG	1980
	TCGCTATCTG AGTCTGAGTC GCTATCCGAG TCTGAATCGC TGTCTGAGTC TGAGTCGCTG	2040
10	TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAGTCTGAG TCGCTGTCTG AATCGCTGTC TGAATCTGAG	2100
	TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTATCTGAG TCTGAATCGC TGTCAGAATC TGAGTCGCTA	2160
	TCTGATGTTT CTTCTTCGTA GTAGCCATTA TCAAGTGTGA AATCATCATG ATCCGTAATT	2220
15	GTTACATCAA CTTGCGCCACC ATCGGCATCT TTATCATCTT CAGTTGTATT TGTACCTGTT	2280
	TGAGTTAAGC CAGCAGGTTT TTCAAAGATA ACTTTGTATT TACCACTATC TAAATTATCA	2340
	AAGCGGTATT TACCATTTTC ATCTGTYTCA GTTGTACCAA TTACTTCGCC TTTTTCGTTT	2400
20	TGCAAAGTAA CTTTAACACC TTTAATTCCT TTTTCAGTCG AATCTTGTTT ACCATCTTTA	2460
	TTACTGTCTG ACCAAACATA ATCACCTAAA CTATATTTTG GTGTTTTGTA GAATCCACTA	2520
	TCTAATGTCA TGTTGTCAGC GTCTTTAATG ACACCTGTTG TAGTTAGTCC ATCAGAATCT	2580
25	ACAGCATCAT CTGTACCTAC ATTTGCAGTT GTCGGTGTAT AACCGGCTGG TGTGAAAAC	2640
	TCTACACTAT AAGTTCCATT GCTTAAACCA GTGAAGTATG ATTTACCATT TTCATCTGTT	2700
	GTCGTACGAT CTAATTCITT ACCGTTACTA TCTTTAAGAA TGACATAAAC ACCTTTAATC	2760
30	CCTTTTTCAT TGGCATCTTG TTTACCATCT TTATTTGTAT CTTCCCATAC ATAGTCACCT	2820
	AGATTATATT TCTTTTGGTC GCCATTAGCA GTTGATGAGC CATTACATT TGAATAACTA	2880
35	TTTGACCAAC TATATTTAGT TTTGTCAGTG TCTAAAGTAT AATCAATTTT TCCATTATCT	2940
	GTTGAACTAT TATCTGGATA AGCAACTTGT TGAATGATGT ATTGTTTATT GCTGCTTGTT	3000
	TGGCCTTTCA TTAAATCGAC TGTAGCTGTT TTATTATCAT TACTATAAAT AACATCGAAT	3060
40	TGATCAGTAA CATCTTTAAG TTTTGAAGTA TCAGGGGTGA AACTATCCAC AAATTGATTT	3120
	TGATCTGtCA CTtCGTAAAT TTTGAAGTTT TTTGCATTG GATTAAATTT ATATCCAGTT	3180
	AAATTAGTAA CAAACGTTTG TTTAGTATAT GTATTTTATG GTTGATTTAC ATATGCAGTC	3240
45	ATATTACGCG ATAAATCTTC ATTGTTAATA TAGTTTGTAC TTGAAATAAG CGTTTGTGCT	3300
	TTTTTATTAC CATAATCGAC AATGATTTCT TCGCTATATG TATCATTACC TAAAGTTACT	3360
	TCCATTTTAT AAGCTGTTTT ATCAGTTGTT GCATTTTAC GTTTCGCAA TGCAACTTGT	3420
50	TCAAAGCTAC CTCTAACATT TGTATATTGA TCTACATAGT TCGTAAAAGT ATATGTTGTT	3480
	GTGTTTGTG TACTATCATA AATACCTTTT GCAATAATAT TACCTTGGGC ATTATATAAA	3540

55

GTAAATGTAT CGCCCTCTTT AACAGAATCA TCGATTGTGT AATTGCTTT TAATTTTAAA 3660  
 ACATCACTTG AAGTTGCCCA AAATTCAGTT TTACCAGTAG TCTGATTAAAC ATGTCCTTTA 3720  
 5 TCAATCGCAA TGTCATATT TGAAAAATGT ACTTTATCAT TAACATTTGT TCCTTGTTGT 3780  
 GGAGCTGCAA CAGTATTCAC TGCCATGCGA TTAAAGTTC TTGGTTTAAAT AGTCGTTGTT 3840  
 TTAGGTGTAG TTGAAACATC TTTGCTTGT GTTAAATTAC TTTTATCAGT TTCATTACTA 3900  
 10 TATGTAGTTG ATGATTTATC ATTTGTTGTT ACATTGCTAG TTTTGTAGT AGATTGATTA 3960  
 GCTGTAGCGT TTTGTGGTGA TTGCATGTTA CTACTAGTTT CTTTAACTGT TGCACTATCA 4020  
 CTCATTGTCA CTTTAGGCTG ATCTGCAGTT GCAGTTTGGC TATTGTCTTT TAGTTGACGA 4080  
 15 CTATCAACTT TTTTAGTTGT TTTATTCTCA CTTGGGGCTG TCGTTTCATT TTTTGATTGA 4140  
 TTTAATTCTC CATTCGTATG TTCTGCCGCT TTAGCTTCAT GACCACTTAA CCCAAAAATC 4200  
 20 AATGTTGTCC CTACTAAAAT TGAAGCAGTA CCTACAGAAT ACTTTCTTAT CGAAAATTTG 4260  
 TTTAATCGAT TTGGTATCAT GCCTTTnCTA TTTGTnGCTG TCTTTTTATA ATTCAATTA 4320  
 TAATACTCCT TTAATAATATC AAAATTTGAT AAATATAA 4358

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 455:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1060 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 30 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 455:

TTGACTTCTT AATTCAGCAT TTTCTGCACT TAATGCTTTG TTCTTTTAA TAAGTTGCTT 60  
 TCTTGCAATA ACTTCGGTAT CTATTTTACT ATTACTATAC CTTTGATTTA AACTAATAT 120  
 40 ACCAATTAAT GCTACAATGA TAATGATAAG TACAACATAA AAAGACATTT TTTCACCAAT 180  
 CCTTTTGGAC TTCTTTAACT TTGTATACAA TAATAATTAA TAAAGATTAA TTGTTATTCA 240  
 ATTTCCCACT TTTTATTAG TTGATTTTAG TTCATCATTG TTATAATCAA ATTATAAACT 300  
 45 GACAGATATT GATGTTCAAT GAATATGACG TGAAAGATTC GTGAATTCAA GTTTATGTCG 360  
 AATTTATGTT ATAACGGTCA TTAAATGAC AGAATTAGGT CACTCATAGT ATTTTGAAGA 420  
 TTGAATTCAT TAATTTTAAA ATGTATAATG ATATTGTGA AAGCGCTTGC TTAGGAGGTG 480  
 50 TATTTGAGAG TGAATGAAAT GAATGCTAAA GAACAATTAG TGGACAATTT AATGAAAACA 540  
 TCATCGCAAT TATTTAAATT TCACGGTGAA GTTGCCATGC AGCTTTTCTT AAATGATGAA 600

55

EP 0 786 519 A2

	AAAGTTATTC CGCAATCATA TGC GTTACTA TACATAGATA AGCAAGATCA AGCAATAGCT	720
	AAAGAAGATT TATCACTTTC AAAAATTGCA AAAGTTTATG TGCAATATGA TGATACAACA	780
5	ATAATGAGTA TTTTCGTTTA TGATGTAGTA AACGATGAAT GGATTTT TAG ATTGGATCCG	840
	AATATACGTA TACCTAAGAG TAACATATAC TTCCATAGTT TAAATTGGGA TGTGGATATA	900
	TTAAACCGGA GtCGTCTAAT GTATGTCTAA TGCaCACCAT CAGaTCATCA TtATCCATTA	960
10	TAACGrGCAT AGTGCATAAn yACTWCAcTT TaTTaaATTG AGaGGgGCAC GATAGGTGCA	1020
	TCAGGACATA ATATAGGAAG CATCAACGCG TGAnCAGGTC	1060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 456:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1262 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 456:

25	ATAATnACTA AATACnAAAG TTAACTGTC TTACTAATAA TGACTATGTT ATAATTTTAA	60
	AAGTGATATT TTGGGTAATC GCTATATTAT ATAGAGGAAA GTCCATGCTC ACACAGTCTG	120
	AGATGATTGT AGTGTTCGTG CTTGATGAAA CAATAAATCA AGGCATTAAT TTGACGGCAA	180
30	TGAAATATCC TAAGTCTTTC GATATGGATA GAGTAATTTG AAAGTGCCAC AGTGACGTAG	240
	CTTTTATAGA AATATAAAAG GTGGAACGCG GTAAACCCCT CGAGTGAGCA ATCCAAATTT	300
	GGTAGGAGCA CTTGTTTAAAC GGAATTCAAC GTATAAACGA GACACACTTC GCGAAATGAA	360
35	GTGGTGTAGA CAGATGGTTA TCACCTGAGT ACCAGTGTGA CTAGTGCACG TGATGAGTAC	420
	GATGGAACAG AACATGGCTT ATAGAAATAT CACTACTAGT TTAGCTCTCC TAGATGATGG	480
	AGAGCTTTTT TCATGAAAAG AACACTTAAA ATTAACGCCy TGTCTTGaTA tAATGACaCT	540
40	GCCtTGTTTT AAAATAGTAA GCGGATGCgT TAATGTATCA GCGATTAAAT TTGTTGGAAA	600
	TGTATAAAAA ACACAAGCTA AGAATAAAAT ACCTGTATAA AAGGAGAATC ATATATGTTT	660
45	CAATTACTTG CAGTTTGTCC GATGGGATTA GAAGCTGTTG TTGCTAGGGA AATTCAAGAA	720
	TTAGGCTATG AAACAAATGT TGAAAATGGT CGTATATTTT TTGAaGGAGA CGCAAGTGCA	780
	ATTGTAAAGG CAAATTTATG GTTGCGCACA GCAGACCGAA TCAAAaTTGT TGTGACGT	840
50	TTTAACGCAA CAACGTTTGA CGAATTATTC GAACAAACCA AAGCGCTCCC TTGGGAATCT	900
	ATAATTGATA AAGAGGGTAA CTTCCAGTT CAAGGTAGAA GCGTTAAATC AACACTACAT	960



	TATAACGAAA AAGGTTGGTT AAATGAATCA GGTGCCAAAT ACCCTGTTGA AGTTGCCATT	1080
	TTAAAAGATA ATGTATTATT GACTATCGAC ACATCAGGTT CTGGTTTGAA CAGACGTGGT	1140
5	TATAGATTAG CACAAGGTGA AGCACCAATT AAAGAAACGT TGGCAGCAAG TTTAATCCGT	1200
	CTTGCCAAAC TGGGAAAGGT GATTACACCT TTnAATTGGT CCCATTTGCG GTTCnGGTTA	1260
	CA	1262

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 457:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1142 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 457:

20	CCTGGCTGCT TTATCAGCAT CTACTACTTT AAAACCGAAT ACGGATAAGA GTTCTGATAC	60
	TGTTGATTTT CCTGAGGCGA TTCCACCTGT TAGACCAATA ACTTTCGGCA TAATTTCACT	120
25	CTTCTTTTAT TTTTGACATA CTGGACAATA ATGACTATTT CTTGTGCGCA TGATTTTGT	180
	TTCAATTTGA CTCCACACA CTTGCATAC CGGCTGCTTA TATACATTAA GATGCAATTG	240
	CATCTCACCA GTTTTTCCAT CAGCATGACG ATAATCTGAA ATACTTGTAC CGCCATATTT	300
30	AATACCTTCT TCTAGTACTT CTCTAACATA ATAAAAACC ATTTCTTGT GTTGGTGTGT	360
	TAAGTCTTTT ACTTTTTTAT CTGGTAAAC ACCTGCACGA AACACGCTT CACATGCGTA	420
	AATATTTCCA CAACCTGCGA TTACTTTATG ATCCAAAATC ACTTGTTTGA TTGGTTTATT	480
35	CTTATTAGAC TGTTGATGAA TTCGATTAA ATAATACGTC AATGCTTCAT TTGAAAAGG	540
	TTCAGGCGCT ATTTCTAAAA ATGAAGGATA AGATGCTACA GACGCAACAT TTCTAATTC	600
	TCCAAAACGA CGTATATCTG AATAAATTAA CTTTTTGTCA TTTGACAACT CAAAAATAAC	660
40	ATGCCAATGC TTACGATAAT TAGGTATCAT AATATCTTCA AGTTCATCTA CAATGAAAAA	720
	ACCGCCCGCC ATACCTAAAT GACTAATTAA TGTACGTTGT TCTCGTTTAT TATCTAGCTG	780
45	AAAAACGATA TATTTACTTC TTCGTTCTAC ATTTGTAATG GTATAGCCTT CCGATAAAGT	840
	TTTAAAAGTA TCTAATTCAA TTCCTTTTAT AATTGTTTCC TTGCCTTGAG CTTTACCTTC	900
	GATTACTTTA TCCGAAAATA TAACGTGTTT AATTTTTTGA TTTATAACGT AGGGTTCAAT	960
50	TCCTCTTTTT ACATGTTCTA CTCTCGGTAA TTCGGGCATA CCATTAACT CACTTTATTT	1020
	TGCATCATAC CAGGTTGCAC CATAACTTGA GTCTACTTTT AATGGAACAT CTArTTGCAA	1080

TT

1142

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 458:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1814 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 458:

5	CCTTTAGTAA ACAATCCTTC TTTAGTTTTA GTACGTTGTT CCAATCCAAA TAATTTGTAT	60
15	TTCAATGCCT CGCCCGATTG AGTGCCGCTA AAGTTATCAT CTTTCATGTT AGGCGTGTGG	120
	GTAAACATGT GTATATCACT GTTTAAACGG TCTTTATAAG CTTCGGTACC TTGTACATCG	180
20	TATTGCTTAT AAATATAACC ACCATCAACA GAGCCTTCTG TTTCTCTACC TTCGCTATCA	240
	GCATAAACAG TCGGTTCTAA AAACAACACG TTAGCTTCCT TTTGTTTTCT AACTTCTACA	300
	GGATCTAAAT TTAAATTACC TTTAATAAGT AACATAGCGT CATTTAATC ACTCATATAG	360
25	TTAGCAsymy CTGATTCAGC ATTATCATAC AAATCAATTA AAGTGATTAC TTTCTCATAA	420
	TCCCCTTTTT TTCTTTCGTT GTTGCTAAAT TCTGTAATAG GCATACGTTT GAAAGAGTGT	480
	GATTCAAAAC CGTTTTTCAG TGGTGTGAGC TTCAATCCAT TTGTTCTACT GGTAAGATAT	540
30	CTATAAACAC CGTGTGAAGT GAATAAATCA ACTGTAAACA CTTTCATCTTC GTCAGTCTTG	600
	TCTATTGGTT TAGTTCTTAA ATATCTAACG CCTGCGATAC TATTACGTTT AATTGTATTG	660
	TGCTATATGA CAAAAGTACT CATTGCATCA CTCTTGATA AACGCGTTTC ATCATCTTGG	720
35	TTTCTAATCA TTAATCATA AGCTTTGCCA TAAATTGACA AATCTAATCC TAAAGATCTA	780
	TTGTGTGACT CAACATCATT TAAATCATG AACGCCTCAA TAACTTCTAA TACATCTTTG	840
40	TCATCATCTT GATATTGAAT TGGATTACCC AAGAAATAGC CGTTGATAAA ATCGCTAATA	900
	TAAGATGCGT AATCATGCGC TACACGGTTA TCTGCCATGT ACTCTTCTTT GCGTCGTGTT	960
	AACTCAACTA AGTTCTTAGT TTTACCTTCG TAATAATCAC TTAACACTTT CAATCTAGGT	1020
45	CGTTGGTAAT CCATGTGATG TTCAATGTAT TTACTTACTT CATTAAAGTT TTGTAATAAA	1080
	TCGGATTCCG TCCCGTCATA TGTGTAAACA ACATTGGCTT CATCATTAAT TAAGTAATTT	1140
	ATGTTTCCCC GTAGATCTGT ATCTGTTTCA AATTCGTTTA CTTTAAACAT TTGTTCCCTC	1200
50	CTATAATCCT AGAGATTTTA TTGTGTCAAC TTTCGAACTG AGATTGTGTC GTTTCTAAC	1260
	CGGTCTGTAG AATCGTTCCA CTGAATAACG CAACGAATCG ATACAATGAT TGTATGTATC	1320

CTCTTCAATA GTCTTGAAAC AACGTTTCATC AACAATGATT TCAAATTGCA TTAAGAATTG 1440  
 TAACCCTTGT ACAACCGAGC CCTTCCCTTT TTTGGTTGGT AAAATCCTTT TAAGCCCTAG 1500  
 5 ATTCTTAAT TCAGCTATAC TTTTITGTTT TGCATCTCT GCTGTAATTT CTTCTTTAGC 1560  
 ATAACCAAGT TGCTTTATGA CATTAGCTAT TTCATCATT AGCATACCTT GTTTAACATA 1620  
 CTCTTCAATG ATGTATAACT TCTTTTCTT TACATCTATT TTAGAATGTA TAAAAGCACT 1680  
 10 AGGATCATT ACGTAGCCAA AGTCCAATCC AAAATAAGAA GGTAAATGTC TTAACCTCATC 1740  
 TTTATTTATT AAACGTTTTT CATACTTAGG GAAAACCAAT TTGTCTAGTG TAGCAAATTC 1800  
 ACCTAACGCA TAAA 1814

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 459:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 686 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 459:

AATTNAGATT ATTACCCCTCC TTTAAAAATA TTTGTTTCAC AATTTTTTAT TACCTATTTA 60  
 CTGGTTTCAT GTCTTATGGG GCATTTTACT TGTGTTTATT TGAAAATGTG CAAAATTTAA 120  
 30 TCTTATATGT TTCTTGGCTT TTCATGACTA TGCTATTTAT GTTTATGAAT ATGCATTCAA 180  
 TTATAGATAA AAAAGTACAT ATATTTCTTAA AGTCTAATAA ATAGTTACAA ATTTAGTTAG 240  
 TTTTCAATTG TTAATTAGGG GTGGTAAACA GTGCTTTGTG AATCTAGACA AATTTATAAA 300  
 35 AATCCTAAAT ATCGAGTTAT TAGATATAAT AATGAATATT TCATGGTCGA TTTAGTAAGT 360  
 ACTTGGATTA CTTATTTTTT CCCTATGATT AATTGGTTTT TGCCCAAAAA ATACGCAAAA 420  
 ATTAGCGAAA ATGAATTTGA AAGGTTAAAT ATAGTCGAGC CTGTTAAAAA TAATGTTTTT 480  
 40 TGGCCGGTTG CAGGAAGTTC AGTTCTATTT GGAATTATAT TGAGAAAGTA CGGTAACCTC 540  
 TTTAATGTTT AGTTTGAAAA ACAACTAGCA ATCACTGTAT TTTTATCAT GTTAATAGGG 600  
 45 ATGTTAATTT TTTATTTTTA TCTAAATAAA AAATTAACAT TAAAAATTTT TAATACCAAC 660  
 GTGGGTAATA AGAATAGGAG TTGTAT 686

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 460:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1300 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 460:

5 ATCTGCAATT ATGGGCACAC CCAAGCTnAT GCAAGTAACT AAAGGAGAAG TACTTTTAGA 60  
 CGGTGTAAAT ATTTTAGAaT TAGAAGTTGA TGAAAGAGCA AAAGCAGGAT TATTCTTGGC 120  
 AATGCAATAT CCATCAGAAA TTACAGGTGT TACAATGCT GATTTCATGC GTTCAGCAAT 180  
 10 CAATGCGAAA CGTGAAGAAG GACAAGAAAT CAACTTAATG CAATTTATTA AGAAATTAGA 240  
 TAAAAACATG GATTTTCTAG ACATAGATAA AGACATGGCA CAACGTTATT TAAATGAAGG 300  
 TTTCTCAGGT GGAGAGAAGA AACGTAACGA AATCTTACAA TTAATGATGT TAGAACCTAA 360  
 15 GTTTGCaATC TTAGATGAAA TCGATTcAGG GTTAGACATC GATGCATTAA AAGTTGTATC 420  
 TAAAGGTATT AACCAAATGC GTGGGGAAAA CTTTGGTGCA TTAATGATTA CACACTATCA 480  
 20 ACGATTATTA AATTACATTA CTCCTGATAA AGTACATGTA ATGTATGCTG GTAAAGTCGT 540  
 TAAATCTGGT GGTCCAGAAT TAGCAAAACG TCTTGAAGAA GAAGGATATG AATGGGTAA 600  
 AGAAGAGTTC GGTTCAGCTG AATAATCTTA TTAATACAGT ATCCATGAGA TGTTcATCTA 660  
 25 TATATGATGA AAATGAACAT TTATACGAAA TAGTAAATTT CATCAAGTAG GAGGAAAAAG 720  
 TTATGACAAC TGATATTTTG rACaTTyCTG AAGAACAAC TGTtGATTAT TCTAAAGCCC 780  
 ACAATGAACC TTCTTGgATG ACAGAATTAC GTAAAAAGC TTTGAAATTA ACAGAACTT 840  
 30 TAGAAATGCC AAAACCTGAT AAAACAAAAT TAAGAAAATG GGATTTTGAT TCTTTTAAAC 900  
 AACACGATGT AAAAGGTGAT GTTTATCAAT CTTTATCACA ATTACCTGAG TCAGTAAGAG 960  
 AAATTATTGA CGTAGATCAT TCTAAAAACT TAGTAATTCA ACATAATAAT ACGATTGCGT 1020  
 35 ACACACAAGT TGATGATAAT GCATCGAAAG ATGGCGTTAT CGTTGAAGGT TTAGCAGACG 1080  
 CTCTTATGAA CCATAGTGAT TTAGTACAAA AGTACTTTAT GAAAGATGCA GTAACAGTAG 1140  
 ATGAACATCG TATCACAGCG CTACACACGG CATTAGTTAA TGGTGGCGTA TTTGTTTATG 1200  
 40 TTCCTAAAAA TGTAGTTGTA GAACATCCAG TACAATACGT TGTGTTGCAC GACGACGAAA 1260  
 ATGCAAGCTT TTATAACCAT GTTATCATCG TTA CTGAAGA 1300

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 461:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3135 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## EP 0 786 519 A2

	GACAGCAAAT TCAAGATACA TTAAATAAAG ATATTGTCAT AAAGCATATT CTTGTTTCGAG	60
	ATAAATCTAA AAAGAGACCG CTAAATATTA GCCAATATCA TTAAACTGAA GATGTTAATG	120
5	AAATTTTAAA TGATGATTCA TTAGATATTA TCGTTGAAGT CATGGGAGGA ATTGAACCAA	180
	CTGTAGATTG GTTAAGAACA GCACTTAAAA ATAAAAAACA TGTTATTACC GCAAATAAAG	240
	ATTTATTAGC AGTACATCTT AAACCTTTAG AAGATTTAGC AGAAGAAAAT GGTGTAGCTT	300
10	TAAAGTTTGA AGCGAGTGTA GCAGGTGGTA TTCCGATCGT AAATGCCATA AATAATGGTT	360
	TGAATGCGAA TAATATTTCA AAATTTATGG GAATTTTAAA TGGTACCTCT AATTTTATTT	420
	TATCTAAAAT GACTAAAGAG CAAACGACAT TTGAGGAAGC ACTTGATGAA GCGAAAAGAC	480
15	TTGGTTTTGC TGAAGCGGAT CCAACTGATG ATGTAGAAGG GGTAGATGCA GCGCGTAAAG	540
	TTGTCATTAC ATCATATTTA TCATTTAACC AAGTCATTAA ATTAAACGAC GTTAAACGAA	600
20	GAGGAATTAG TGGCGTAACT TTAAGTGATA TTAATGTAGC CGATCAACTG GGGTATAAAA	660
	TTAAATTGAT TGGTAAGGGA ATATATGAAA ATGGCAAAGT TAATGCATCG GTAGAACCAA	720
	CGTTAATTGA TAAAAAGCAT CAATTAGCAG CTGTAGAGGA TGAATATAAC GCGATTTATG	780
25	TTATTGGTGA TGCCGTTGGT GACACGATGT TTTATGGAAA AGGAGCAGGC AGTTTAGCAA	840
	CAGGTAGTGC CGTTGTCACT GATTTATTGA ATGTAGCATT ATTCTTTGAA TCAGATTTAC	900
	ACACATTGCC ACCACATTTT GAATTAAAGA CAGATAAAAC ACGGGAAATG ATGGATTCAG	960
30	ATGCAGAAAT TAATATTAAA GAAAAATCCA ATTTCTTTGT AGTAGTGAAT CATGTCAAAG	1020
	GTTCAATTGA AAATTTTGAA AATGAGTTAA AGGCAATATT ACCATTTTAC CGATCATTAA	1080
	GAGTTGCAAA TTACGATAAT CAATCATATG CCGCTGTTAT AGTTGGATTG GAATCATCAC	1140
35	CGGAAGAATT AATCACTAAG CATGGATACG AATTGACAAA GTATACCCAG TAGAAGGAGT	1200
	TTAATTATAA TGAGAAGATG GCAAGGATTA GTAGAAGAGT TTAAAGCACA TTTACCAGTA	1260
40	AATGAAAATA CACCAAAATT AACATTGAAC GAGGGAAATA CACCACTCAT TCATTGTGAA	1320
	AATATGTCTA AAATACTAGG CATAGATTTA TATGTGaaGT ATGAAGGTGC CAATCCGACA	1380
	GTTCAATTAA AGATCGCGGT ATGGTAATGG CTGTGACAAA AGCAAAAGAG CAAGGTAAGA	1440
45	AAATTGTAAT ATGCGCTTCG ACTGGAAATA CATCAGCGTC TGCAGCAGCA TATGCAGCGA	1500
	GAGCAGGTTT AAAAGCTATC GTCGTAATAC CAGAAGGTAA AATTGCATTA GGTAAATTGT	1560
	CGCAAGCAGT AATGTATGGT GCAGAAATCG TTTCTATTGA AGGAACTTTT GATGAAGCTT	1620
50	TAGAAATTGT AAAAGAAATT GCAAAAAGTG GCGAAATCGA GCTTGTA AAC TCTGTCAATC	1680
	CATTTAGAAT CGAAGGACAA AAGACAGGCT CATTTGAAAT TGTACAACAA TTAGACGGTG	1740

55

AAGGCTTTAA AGAATATCAT GAAGCTAAAG GATCACAATT GCCGAAAATG TTTGGCTTCC 1860  
 AAGCTGAAGG CGCATCACCA ATTGTTCAAA ATAAAGTCAT TAAAAATCCT GAAACGATTG 1920  
 5 CAACTGCTAT TCGAATTGGT AATCCTGCTA GTTGGGATAA GGCGACTAAT GCTCTTAAAG 1980  
 AATCAAATGG ATTAATAGAT AGTGTTACTG ATGATGAAAT TCTAGAAGCA TATCAGTTAA 2040  
 TGACAACTAA AGAAGGTGTC TTTAGTGAAC CAGCGAGTAA TGCTTCTATT GCAGGTTTAA 2100  
 10 TTAAATTGCA TAGACAAGGT AAATTACCTC AAGGTAAAAA AGTAGTTGCT ATTTTAACTG 2160  
 GTAATGGATT AAAAGATCCT GATACTGCTA TTTCACTACT AGATAATCCG ATAAAGCCAT 2220  
 TGCCAAATGA TAAAGATAGC ATTATCGATT ATATTAAAGG AGCTTTATAA CATGTCGAAT 2280  
 15 GTTTTGGAGT TAACAATTCC TGCATCAACA GCCAACCTTG GAGTTGGCTT TGATTCTATA 2340  
 GGTATGGCTT TAGATAAATT TTTGCATCTG TCTGTAAAGG AAACATCAGG GACAAAATGG 2400  
 20 GAATATATTT TCCATGATGA TGCATCTAAG CAATTGCCTA CTGACGAAAC AAACTTTATT 2460  
 TATCATGTAG CACAACAAGT TGCTTCTAAA TATAGTGTG ACTTGCCTAA TTTATGTATC 2520  
 GAAATGAGAA GTGATATTCC ATTGGCAAGA GGGTTAGGTT CGTCAGCTTC TGCTTTAGTA 2580  
 25 GGAGCTATAT ATATCGCAA TTATTTTGGT GATATCCAAC TGTCTAAACA TGAGGTATTA 2640  
 CAATTAGCGA CTGAAATCGA AGGACATCCT GATAATGTTG CGCCGACCAT TTATGGTGGT 2700  
 TTAATCGCTG GATATTATAA TGATGTCTCG AAAGAAACGT CaGtGCACA TATCGACATA 2760  
 30 CCAGACGTGG ATGTGATTGT AACGATACCA ACTTATGAAC TAAAAACAGA AGCATCAAGA 2820  
 CGTGCTTTAC CACAAAAATT AACACATAGT GAAGCGGTTA AAAGTAGTGC AATTAGTAAT 2880  
 ACAATGATTT tGgCATTAGC ACAGCACAAAT TATGAATTAG CAGGTAAACT CATGCAACAA 2940  
 35 GATGGCTTTC ATGAACCGTA TCGTCAGCAT TTAATTGCTG AATTTGATGA AGTGAAAACA 3000  
 ATTGCTAGTC AACATAATGC CTATGCAACT GTAATTAGTG GTGCTGGACC AACTATTTTA 3060  
 40 ATATTTAGTC GTAAAGAAAA TAGTGGGGAA TTGGTTCGCT CTTTAAATAG TCAGGTAGTA 3120  
 TCATGCCATT CTGAA 3135

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 462:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1209 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 462:

55

## EP 0 786 519 A2

AGnTCAATAT TTAGATCAAG CCGTTTTAAG TAATTACGAA CAAGTTTATA TCATTCATGG 120  
 TAAAGGTACA GGTGCACTTC AAAAAGGTGT ACAACAACAT TTGAAAAGC ATAAAAGTGT 180  
 5 TAGTGACTTT AGAGGTGGTA TGCCAAGCGA AGGTGGATTT GGC GTTACCG TTGCAACACT 240  
 AAAATAAAATT ATAATTGAT AAATTAAATA GCTGCAGTTA AAATAATGTA AAGCAACAAG 300  
 AATACATTTT AAACATGTTA TTTGAAATAA GCATAAAAT TGAGCAAATA GAAATACATG 360  
 10 AAGCATGTTA TCTGATATAA TTTGAACATC ATAATAATAA TTAAGGAGGA TTGGCATTTA 420  
 TGGCAATCGT AAAAGTAACA GATGCAGATT TTGATTCAAA AGTAGAATCT GGTGTACAAC 480  
 TAGTAGATTT TTGGGCAACA TGGTGTGGTC CATGTAAAAT GATCGCTCCG GTATTAGAAG 540  
 15 AATTAGCAGC TGACTATGAA GGTAAGCTG ACATTTTAAA ATTAGATGTT GATGAAAATC 600  
 CATCAACTGC AGCTAAATAT GAAGTGATGA GTATTCCAAC ATTAATCGTC TTTAAAGACG 660  
 GTCAACCACTG TGATAAAGTT GTTGGTTTCC AACCAAAAGA AAACCTTAGCT GAAGTTTTAG 720  
 20 ATAAACATTT ATAAGTTACA ACCAATGACG ACTGGGGCAT TTCTTTAATG AATTGCTCCA 780  
 GTTTTTGTTT GTGTTTTTAA TATAAAAAGT TGAATGATAA GTCATCATAT TGTTTACGAC 840  
 25 TTGAGAATGG TGGGATTAAT AAATCTATGA ACGTTAAATG ATAATCTAGC ATGCTGATAG 900  
 ATTTGTAGCA GTTGGTTTGA TAAACCATG TTCAATATTA CATGATGTGC ATGAAAAGTC 960  
 ATACTCGAAG ATGTTGATTA TTAAC TAGAA TTAGTGGTGA TAAATTTGAA GCAC TTTTGT 1020  
 30 AGCATCATTC ATTTTAAAAT TAGAAGGGGG GATATTTTGG GAAGACTATA AGCAACGAAT 1080  
 TAAAAATAAA TTAAATGTCG TACCTATGGA ACCAGGATGC TATTTAATGA AAGATCGTAA 1140  
 TGATCAAGTG ATATATGTTG GCAAAGCTAA AAAGCTAAGA AATCGATTGC GATCATATTT 1200  
 35 TCACGGGTG 1209

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 463:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2410 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 463:

AGTTCAACAC GACGAATTTT ACCTGAGTTT GTTTTGGTA AGTCGTCAAC GAATTCAATC 60  
 50 TCTCTCGGAT ATTTATATGG TGCAACTTCA TTTTAAACAA ATTGTTGTAG TTCTTTAACT 120  
 AACGTATCAT CACCCGCAGT ATGGTCCTGT AAAATAACGA ATGCTTTAAC AATATTTTCCT 180

## EP 0 786 519 A2

	GCATCTTCAA	CTTCAAAAGG	CCCAATCGTA	TAGCCTGAAC	TAATAATAAT	GTCATCTCGA	300
	CGTCCTTCAA	ACCAGAAATA	ACCATCATCA	TCTACATGAG	CTAAGTCACC	AGTGATGTAG	360
5	TATTtACCTG	TTTGCGCTTT	CGCCGTACGT	tCTGGCTCTT	tATAATACCC	TTTGAAAAGT	420
	GCTGGCAAAT	CAAGTGGTAC	TGCAATATTC	CCTTTCGTAT	TAGCAGGTAC	GCTATTCCCC	480
	TCATCATCTA	CTACAGTGAC	CGAACTACCC	GGAATGCCTT	TACCCATTGA	TCCAATCCTC	540
10	TGTGGTGTAT	CTTTTAAAAA	GCCTATAAGC	AAGGTACTTT	CAGTCTGGCC	ATATCCATCT	600
	CTTACAGTTA	AATTAAAGTA	TTTCTTGAAT	TGTTCAACTA	CTTCTCGATT	TAGTGGCTCA	660
	CCTGCAGAAA	CGGCACTATG	TAAATGCGTT	AAGTCATAAT	CATTTAAGTT	CTGTAATTTA	720
15	GCCATCATAC	GATATTCTGT	CGGTGTACAA	CATAAAACAT	TAATTTGATA	TTTTTGAAGC	780
	AATTCTAAGT	ATGTTTCAGG	ACTGAACCTT	CCATTAAATA	CAAAAGCAGT	TGCACCTGAA	840
20	CCTAATACAG	ATAAGAAAGG	ACTCCATACC	CATTTTTGCC	AACCTGGTGc	TGCTGTTGCC	900
	CAAATAAGT	CATCTTCATT	aATACATaAC	CAATGTTTTG	GTGCCATTTG	TaAATGTGcA	960
	AATCCCCaTC	CATGACAATG	TGTAACGGCT	TTAGGATTGC	CAGTTGTACC	AGATGTATAT	1020
25	GACAGAATCG	CCATATCATC	ACGCGTCGTA	TCTGCCATTT	CTAGTTTGTT	ACTTGCCTTT	1080
	TCTTTTTCAG	CTTCAAGTGA	AATCCATCCA	TCTTTTTGAC	CGGCAATAAC	AAATTTAGTT	1140
	AACGCATCAT	ATTCTTTAAT	TTTTTCAAAT	TCAACTGTGA	ATGGCTCTAG	TGCAATAACT	1200
30	GCATTAATTT	CACCATGTGT	GATACGGTAT	TGTAAATCTT	TAGTTCTTAG	CATTTCAGAA	1260
	CATGGAATGA	TTGCAACACC	TAATTTTAAA	GCAGCAATAT	ATAATTCATA	CGTCGCAATA	1320
	GATCGTGGCA	TCATAATGAG	TACTTTATCG	CCTTTAGATA	AACCGTGCGA	TGCTAAAACA	1380
35	TTACCTACTT	TATTAGACTG	TTCAATGAGC	TGTTGGTAAG	TGACTGATAT	ATCTTCGCCT	1440
	TCAGTATTAT	GATATAAAAT	TGCCTTTTTA	TCTGGTATGT	GGCTATATTT	TTGATTTCC	1500
40	GAAATAATGT	TATATTTTTC	AGGCGCGAAT	AGAGCTGACT	TTTGCATAAC	TAACCTTCCTT	1560
	TCATACATCC	ACTTTTCCTG	TGATGAACAT	TGTAATTTTA	TAAATGAATT	ATATACATCA	1620
	TACGCCTATC	TTTACAGAAT	TTTCAATTAA	ATAGGGTTAA	ATACCAAAGT	CCTCGACACT	1680
45	ACACTTTGAC	ATGACGTAGC	ATTCAAGGAC	TTTCAAATGA	TTGAGGGTTG	ATATCTCGGG	1740
	CTAGACCATA	TCAGCTAATT	CAATACGAAT	ATTGTATGAT	AATTCACGAT	TAATTATTTT	1800
	TACATCTGCA	CCTTTCGAAG	TGCCACGATG	CTTGTGTGTA	TGCTTGTAAT	CAGCTGAATT	1860
50	TTGCCAATGA	TAAAATGCCT	GCCTATTTTC	CCACAGCGTA	ATAATGATAT	AGTGTCTACC	1920
	AGCTGTTCTA	GGTCTTAAAA	ACCTTAATGC	TTTAAATCCA	TCAACGTTTT	TTAAATGCCT	1980

55



ATTTAACACA CATAATGAAT CATTGATAA ATCATTATC GCTTCTAGCA CATCGTAATA 2100  
 TGCAGTGTCA TTATTTTTTT GTATTGTGAG ACAATCATCC AGTTCTTCTA TTACATAACT 2160  
 5 TCTATATTCA TCATAAATTT TCATAATAAA TGCCTTCATT TCATTATAT TTTTGGTCAT 2220  
 ATTACTkTAT ATCTATTACT AAtkCATTCC CGTATTTATT AATTACAATC ATAGTTTGGC 2280  
 TyCTTTTTTAA AAGATAAGAC TTTGTAAAAA GTATTAATAT TTCATGCAAA TGGGGGACAG 2340  
 10 GAGTCGCCCA CTATTTTTGT GTCTTCAATT TCATGATCAT TATTTAACAT TAGTCATGAA 2400  
 AATAGCCGAC 2410

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 464:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 590 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 464:

25 TTTATTAATT GTAAAAAATT GAGTAAATTA TCTTTACATT CTAAATTAGT CTTAACTACA 60  
 ACTAGTATCC TAATAATTAT AGGAGCTATT ACATTCTTTT TATTAGAACA GTTTAATACT 120  
 ATGCAACATA TGGGACTAGT TGAAAAAATC GGAAATTCTT TTTTCCAATC AGTAACAACA 180  
 30 CGAACAGCGG GTTTTAACAG TATAGATATA GCAAGCATT rCAATCTAC CGCATtAaTG 240  
 TTAATGCTAC TTATGTTTAT TGGTGGTGCC CCTCTCAGTG CAGCTGGAGG AATTAAAATA 300  
 ACTACTTTTG CAGTTGCGTT TATTTTTGTA CTAAATTATA KACGTAAAGA AAATAATGTT 360  
 35 TCAGTATTCA ATAAAGAAAT ATCTGACAAA CATATAAAAC TATCTATTGT TACCATTAAT 420  
 ATCTCATTTT TATTTATCAG CATCATTACT TTTATATTAT CGATAATTAA TCCGAACATA 480  
 40 TCATTAATCA AGTTATTATT CGAAGTGGTT TCTGCATTG GAACAGTAGG GTTAAGTATG 540  
 AACCTTACCA CAGAATATCA TGGTATTACT AAAATAATTA TTATATTCGT 590

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 465:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 905 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 465:

EP 0 786 519 A2

	TATTCGATTT GAnTCTTTTA AAATTATGTT TAAAAACATG TCTAATGATT CCGCATCATT	120
	TTTTGCACCA TCAATAAGCG TTTCAGcAAA CCCCTTAATT GAAGTAATAG GTGTTTTTAA	180
5	TTCAATGTGAA ACATTTGCTA CAAATTCACG TCTTAGATTT TCAAGTTGTT TCAGATTTGT	240
	TATATCATGC ATCACaACTA AAATCCcTG CAACTTTTT TGAGACCTAG TTAAAATCGG	300
	AACGCATGAA ATATCAAAGT ACTTGGCATG GACTTGGTTT ATTGCAACTT CCAATTGTTC	360
10	ATAAATAGGT TTTTCAACTT TAAAACTTTC TAAAATTAAT TGCTCAATTT CAGTATTAAC	420
	ATAGCCGTGA TAGCCTACTT GTTCAATATT ATGCGAGATG TTGAACTGTT CATAATACGC	480
15	TTTATTTGCA ACAACGATTT TTCCATTTTCG ATCTATCATT AAAATAGCAC TTGGAATATT	540
	TTCAATCGTT GTTTTTAAAC GGTGGATTG AATTTTTTGC TCATTATTAA GCTTTTGAAG	600
	GCGTCGTGCT AAATCATTGG TAGACACAAA AAGCGCTTTA GTTTCTACAA CATTACTTTC	660
20	AGGTACACGT ATGTGATAAT AACCATTTGC CAACAATTGT GTTGcATAAG TAACCTCTTG	720
	AATGGGACCG ATTAATGTAC GCTTAAAACT ACGGCTTGCA AAATACAGAC AAATGAGTAC	780
	AACTAAACAT GTCAAAATAA GATATTTCCA CAACGTCCAA TGCATTCTCG TAATATCGTT	840
25	ATTGTAACCT TTAATCCATA CATGATAACC GTTAACCTTC TTATtAAAAA TAAAAACGTC	900
	CCTTT	905

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 466:

30	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1016 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 466:

40	TTTGGTTAGC CCATAAAAGA AAAAAACAAG TAGTCATTTT TAAACAACAT ATCAAGTCTA	60
	CCCAAGAAAT ACGTTTTGAC AAAGCGAAAG TGCTTGAACA CAAAGATGAA ATAGCAAATT	120
	TTATTTCTTT CGAACCACAA AGTTTTGAAT TTTATTATTT TACAGAATCG GAATTTTCAG	180
45	AAGAACAATT AAATGAAGTT TCGCCAATTA GAATTAAATT CAATGTTATA AGACACACAA	240
	AAGATTTGaT AAAGCATATG CCGAATATAT TTTTGGcTAG ACTTATTTCA GAAGATAATG	300
	ATAAAAAGAC ATATATGTTT TATAACGCA AAGTATTAAC CGATAACTTT TTAGATAAAT	360
50	ATATGCAGAA ATTTTCACCG GCAACATACA CAATAATATT TGTAAATGTC TTAATATGGT	420
	TATGTATGAT TTTATATTTA AATAATTTTT CGGATGTAAA ATTATTAGAT GTTGCGGGT	480

55

EP 0 786 519 A2

	ATTTTAGTTT TGAACATATA CTTATGAATA TGCTTTCATT ATTTATTTT GGTAAAATAG	600
	TCGAAGCAAT TATTGGTTCA TGGCGGATGT TAACTGTATA CTTTATTGCA GGGTTGTTTG	660
5	GAAACTTTGT ATCACTATCA TTTAATACGA CTACAATTC AGTTGGGGCT AGTGCTGCTA	720
	TATTTGGTCT GATTGGATCA ATTTTTCGCA TGATGTATGT TTCAAAAACA TTAAACAAAA	780
	AAATGTTAGG ACAGTTATTA ATTGCATTAG TGATATTAGT TGGTGTCTCT CTGTTTATGT	840
10	CAAATATAAA TATTGTGGCG CATATTGGAG GATTCAATTGG TGGTTTATTA ATAACTTTAA	900
	TTGGCTATTA CTATAAAGTG AATCGtAATA TTTTTCGgAT TtActAATTG GTATGCTtGt	960
15	tATATTTAwT GCACyTCmAA TTAGAtTTTT ACmATTAAAG AAGATAATAw TTATAA	1016

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 467:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 406 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 467:

	AACTTTAAAT TTAGACATCT TTAAACCTC TCTTAAACCA TGCCTATATC TCAAGATGAT	60
	ATTTCAAATG AACAACTACTA TTGCTTGAGA CCATTAATGA ATGATCATAA ATATTTCTTT	120
30	CTATAAAATT AGCTTTCCAA TAACTGTGTT GTTGACATAAT ATCATTACACA AGTACACCAT	180
	TTTCGGAAGT ATGATTATCT TTATCTATAC TTAAACAAT TTGTTTAGTT TTAGCATGGC	240
	TAAATTGTTG AAGACCCTTA CACGATAAAC GTATAGCGTC TGAATTCTCA TTAAACAATG	300
35	CGGCTGGgCA AACAAATGAC ACATTGTACT TCATGTTTGA ACtTCGTTAC AATCaTCGTG	360
	kCatTTTGat AAATAACAAT CCCTCGTAAT kGATTAAGTA TATTAT	406

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 468:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1378 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 468:

50	AGATAATACA CTTGAAGTTG GAATGGTTTG TGACGGTTAT TTAATGCGAA TTGAAAACCTT	60
	AACACCATCA AATTTCTTCA ACTCAGCAAG TGAAGATACG ATTACTAAAA TTAAATTAAA	120

	AGGTACAGCG TTAAAACTAA GAGAAGCCAT CAATTATGAT GAAATGGTTA TTGTAGATAG	240
	TATGACGTAG TTCCTAATTA TGCKAAAAGG GATTGATGAA AACTGAAGG GCTTTTCATC	300
5	AATCCCTTTT ATTTTAGGGG AATTGAATAG ATAGTTTAA ACTATACGAA TTATTAATAT	360
	TTGAGATTTA ATTGAAATAA GTTTTAAAAA TTGGAGGAGA TAGATTAAGC GAAGTCATTT	420
	AAAGGTGAAG TTAAGTGTAT TCACAAAAAn TAGCCACACT CATATGACAT CGGATGAGTG	480
10	TGGCTTAAGG ATCTATGGGG GGAGGAAnCC ATAGATGTTT ACTTTGATAG GCCAGATTAA	540
	ATATCAAAGT ATGCGATTAT TTATAGCTTG ATGCAAAAGT GGTATGCCTA TTAAAAGTTA	600
	CTGCACATAG CTTTAAATAT TCCGTTCAAA GGAAAGGGGC ATACAATTGA ACAATCTGTA	660
15	ATAGTACTTT TAACCAGCTA TGCTAAAAGT CTAGTAGGGA GAACAGTTGT CCAATCACAT	720
	AAGAACCTCT AACTTCGTTA GTACGATTAA GAAAAGCTTT TTAGTTAGTA TGTAATACAA	780
20	TTTATTGACG CGCGTGAATC TCTTTTATAA GAGTGTGTAG GGAATGGCGT TGTATAAATT	840
	GTATTAGAAG AACTTCTAAC GCATCTCTGT GGTAAAAGA GATGAAGGGA ACGACAGTTT	900
	aATTAAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTCTCGT TCAAAGAGAA GCAGcTGTTc	960
25	GCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTAA AGAGTGATAA	1020
	ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTTT CGTTCAAgAG	1080
	AAGCAGCTGT TCGCagTTTA ATCAAAACCA CATAAAGCTT TTAACTTTAC TCTTTGATTT	1140
30	AAAGAGTGAC AAATGTTTAC AGTTTAATTA AACTGCATA AGAACTTCTA GCTTTTCTCT	1200
	TTCGTTCAAA GAGAAGTTCT AATACCACCA TATCGTGCGA TCGGGAACGG TATATATATT	1260
	AATAGGAGGG TAATATATAT TTAACGCACG ATATGGGACT ATTAGCCTTC GACTTTGTTA	1320
35	TGTTGATGTG TGGCCTAAAA TATTGGAGAT ACCAATATTT TAGGTTGCAT CAACATCA	1378

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 469:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
40	(A) LENGTH: 4171 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45	(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 469:
----	--

	TCCCAACCAA TAATCGTGGC AAAAATACGG ATATTGGTAT GGCTTAACAA ATTGCAAATA	60
50	TCGTTTAATC ATACATCCCC CTAATCTAT TGCCCTATCC TATTCaTAAG CATAAAAATG	120
	AATAGAGGTT GGATACATAA TTTGTAGATG TAAATTCTTC TTACAATTTA CATTTTTAAA	180

55

	TTATATTCTA TTCAATTTAA TCTATGGATA CTGTGTCCCC ACACGACAGC AAAAGTTATC	300
	ATACTTCTTT ACATCACTAA GTCAATATAA ATGATTTAAT CAGTATTTAC ACTTTATTTG	360
5	CTTAATACTG TCTAATTTTT TTGTAACGTT CTTTCCAAAC TTTGATAAAA TCTGGCGCGA	420
	ATGGGCCCTT CTTCTGTTCT ATCCATTGTT GAAGAATGTC CACGTTGCGT CTTAAAATAA	480
	TATCAATATC ATGCGGATAA TTCATTTGAT TCATATGTTG CTCATATTCA TCTTCATCTA	540
10	ATAAATGATA CTTTCCGTTT GGATATACTT TAATATCTAA ATCATAGTCT ATATATTTTA	600
	ATGCCTCTTC ATCACAACA AATGGTGATG ACAAATGCA ATAGTAATAA ATTCCATCTT	660
15	CTCTAAACAT GCAGATAACA TTaAACCAAT ATTCTGAGTG AAAGTaACA ATTGCCGGTT	720
	CACGTGTTAT CCAAGTTCTT CCGTCACTTT CAGTCACTAA CGTATGATCA TTTCCACCAA	780
	TGACAACATG ATCAGTACCC TTTAATATTG TTGTTTCAGA CCAAACGCGA TGAATCTTAC	840
20	CATCATGTTT ATAACTCTGA ATTTTAATGT TTTCCCCTTC TTTAGGTATG GATTCTCTGA	900
	CCATACTCCA CACCACCTTC TGTTAATTTA ACCATTATAA ATTATAGCAT ATTTCAGAAA	960
	TAGTATTATA TAAATACATA TTTTACGAA ATAAGATTTT ACTACTTAAT AATTAAACTC	1020
25	GGTAATATTG CTAAGTACTA CAACAGAGAT TTACATGTCC CATTTAAGT ATATAAAATC	1080
	ATCACTTTTA TATATCAACA CTTTAACTTT TTGACATTGT TATTCTATGA GATTTAAGA	1140
	TATCATTTAT ACTTTTAAA ATTAATGTCA CTATGTTTTC CGATAATATT ACCAATCATC	1200
30	GAATGTTACC CATTTATAAA TTGATAAATs TTTGACATAG GTACAGGGAA TGTATATTGA	1260
	TCTCGATCAC TTAAATCAAA CCAAATCATG TCATCTGGTA ATGTTTCAAT GTTAATTGCT	1320
	CCTGAAACGG CGTATACTTT AATCTTCCAT GTTAAATGAG TAAATTGATG CTTCAACTCA	1380
35	AAAATAGGTG TTTCTACTGG TTGAATGTCA TGACCGATTT TTTCAATCAT TTTACGTCTA	1440
	GCATGCTCAC TTTCAAACAT AGGAAATTGC CACATACCAT GCAATAATTT TTCGCTACGC	1500
	TTTTGCAACA GATATTGACC TTGATTATTT CTAATTAAAA AGACGGATTG CTCAATTACT	1560
40	TTTTTACTTA CATTTTLAGA TTTAACAGGT AACTTTTCAA ATGTACCTTT ATCAAATGCC	1620
	TCACAGTTTT CTTGAAGTGG ACAAATAAG CATAATGGAT TTTTGGTGT ACAAATTAAC	1680
45	GCCCCTAATT CCATCATAGC TTGATTAAAC GTTCCAGCTT CTGTAGTAAC ATACGGTAAT	1740
	AATCTTGTT CGTACGATTT CCTCGTCGAT TGTAATTTAA TATCTCGATA GTCATCATTC	1800
	AATCTAGACC ATACTCGAAA AACATTTCCG TCTACAGTTG CTAGTGGTAC ATTATATGCA	1860
50	ATGCTCATTa CTGCAGCTTG TGTGTATGGG CCAACACCTT TTAACGCTTT AAATTGATCA	1920
	GGATCTTTGG GAACTAAGCC TTCATATTTA TCATGAACTT CTTTAATCGC CGTATGAAAA	1980

55

## EP 0 786 519 A2

	GCTTGaCTCA	AAACTTCCAC	AGTTGGAAAT	CGTTCAACAA	AACGATGATA	ATAGTCAATA	2100
	ACTGTTTTAA	CTTGTGTCTG	TTGTAACATG	ACCTCACTTA	ACCAAATATA	GTACGGATTG	2160
5	GTCGTTTGTC	GCCATGGCAT	TTCTCTTTGA	TTTTCATCAA	ACCAGTGTAT	CAAATTTTCT	2220
	TTAAAACTAG	ACTGCTGATA	CATTTATAAA	ACCCTTTCCT	CACCAAAATT	AATTGTCITT	2280
10	ACTCATAATG	TTTTTATTGT	ACATTAAAAT	CATGGTTAGT	ATGTAAGTTA	ATTTAGTTAT	2340
	TTGCGAAAT	GGATTATAAT	AGTATATATA	ATATTATGAA	ATGAGTGAAC	TGATATGGAC	2400
	ACTGCAACAC	ATATCGCAAT	TGGGGTGGGC	CTTACAGCAC	TTGCAACTCA	AGATCCAGCA	2460
15	ATGGCTTCTA	CGTTTGGTGC	AACAGCTACA	ACCCTTATCG	TTGGTTCATT	AATTCCTGAT	2520
	GGGGATACTG	TTCTTAAAT	AAAGGACAAT	GCAACATATA	TTTCGCATCA	TAGAGGTATC	2580
	ACGCATTCCA	TCCCTTTCAC	AATACTATGG	CCAATTTTAA	TTACATTTTT	AATATTCACG	2640
20	TTCTTTAGTG	GAACCAACCC	ATTTTCATGTA	TGGATGTGGG	CTCAGCTCGC	AGTATTTTTA	2700
	CATGTCITTG	TAGATATATT	CAATTCTTAT	GGTACACAAG	CGCTTAGACC	TATCACAAAC	2760
	AAATGGATTG	AATTAAGTGT	GATTAACACA	TTTGACCCTA	TTATTTTCAC	AGTTCTTTGT	2820
25	ATTGGTATTG	TATTATGGGT	TATAGGCTTG	CATCCATTG	CAGTCTTCTT	TCCTATAATC	2880
	GCTTTACTAA	TCATTTATTA	CATGATTCGT	TTTAAAATGA	GAGCCGTAAT	TAAGCAACAA	2940
	GCTTTAAAAG	CAATTCAACA	AGAGCATCAC	CCTGTAAAG	TATTGTGTC	GCCAAACAATA	3000
30	AAATTTATGG	AATGGCGTGT	CGCGATACAA	ACTGATGCAC	ATGACTATGT	TGGAAAAGCA	3060
	TATGGTAGGA	ATGTGGTGTT	TAGTGATAAA	GTGGAACGTC	AAACATTATC	AACAGACTCC	3120
	ATTTTATGGA	AAGTCAAAGG	TAATAAAGAT	ATACGTACTT	TTTTAAACTT	TTCATCAATC	3180
35	TATCGTTGGC	AAACAACAAC	GTTAGCAGAT	GGTTCTACTG	AAATTCGTTT	GATTGATTG	3240
	CGTTATTTAA	AAAATGATCA	TTATTCATTT	GTGGCAATTG	CACATGTAAC	AAACGATAAT	3300
40	GTCATAGACC	ACTCTTATAT	TGGCTGGGTA	TTTACAGAAG	ATAAGTTACA	ACGTAAACTG	3360
	TATGCTAAAT	AATTTCAAGT	TATTATTCAC	TAAAGTTAAT	CTATAAAAAA	TGAACAACCG	3420
	GGCAGAAATGA	AAATCAAAAC	GATTTTTACT	CTGTCCGGTT	TTTTAATGTA	AAACTATGAA	3480
45	TGCTTTTACA	AAATCTAAAA	TTTATATTGT	TGCTAACAAA	CTACCTTTAA	TGACTCGAAA	3540
	TATCAAAATC	AGTATAGGAA	AACAATATCT	AGATGATATT	CTAATTGTTT	CTGATTCTCA	3600
	CAGATTAATT	TACACAACAG	GTCAGCTAAA	CATCATGAAG	AAGTATCCGC	CTCGTCTGTA	3660
50	CTATCATTTG	AAACATCCTG	TTGATTATCa	GTTTGTGTCA	CTTTAGATGT	TTTATTaTAA	3720
	ATTGCGTGTG	TCGTATACCT	TGCTAATACG	AAATTTACTG	CAGCTATTAA	ACATAAGAAT	3780

55

TGTGCTATAC CATTAACAAT GTAATACATT GGATTTAGCA TTAGGATGTG ATTGATAAAT 3900  
 ACATGATTTG GATTTGGTAT GAAAATAATT GGTAACAATA AGAAACACAA TACACAAACC 3960  
 5 CCATAAAATA TGATATTTAT TTTTTCAGWT AACAGTCGAA TAAGACCAAA AGTAACGGAT 4020  
 ATTAATCCTA CAAAAATAGT TGCCATCACA ATAAAAATAGA ATAGCGCTAT ATATGATGTT 4080  
 TCGAAGTTTA CTGGTTTAAC CAATGCACTA ATCATCGTCA AAATGACTAG CATAATAAAA 4140  
 10 CTTAAATAG ACATAATAAC TACTGGCGTC G 4171

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 470:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 9821 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 470:

TGGTTGAAGT AGCAGTTAAT TCAAAATCTG CAACAGTTTC AGCAGAATag GGGCTTTCAA 60  
 25 AATAATCAAA GGAGAATAAT TTATGACTAA AACTTTAAAG GTTTATAAAG GAGACGACGT 120  
 CGTAGCTTCT GAACAAGGTG AAGGCAAAGT GTCAGTAACT TTATCTAATT TAGAAGCGGA 180  
 TACAACTTAT CCAAAAGGTA CTTACCAAGT GGCATGGGAA GAAAATGGTA AAGAATCTAG 240  
 30 TAAAGTTGAT GTACCTCAAT TCAAAACCAA TCCAATTCTA GTCTCAGGCG TATCATTTAC 300  
 ACCAGAAACT AAATCAATTA TGGTAAATAC CGATGACAAT GTTGAGCCAA ACATTGCACC 360  
 AAGCACAGCA ACGAATAAAA TATTGAAATA TACAAGTGAA CATCCAGAAT TTGTTACTGT 420  
 35 AGATGAAAAT ACAGGAGCAA TTCACGGTGT AGCTGAAGGT ACTTCAGTAA TCACTGCTAC 480  
 GTCTACTGAT GGAAGCGATA AGTCAGGACA AATTTTCAGTG ACAGTAACAA ACGGATAGGG 540  
 ATTTAAGGCG CAGTATATCT GCGTCTTTTT TATTTGAATA AAAGGAGCTA ATACAATGAT 600  
 40 TAAATTTGAA ATTAAAGATC GTAAAACAGG AAAAACAGAG AGCTATACAA AAGAAGATGT 660  
 AACAAATGGGC GAACAGAAAA ATGCTATGAG TATTTAGAAT TAGTAAATCA AGAGAATAAA 720  
 45 AAAGAAGCAC CTAACGCAAC AAAAATGAGA CAAAAGAGC GACAGTTATT AGTAGATTTA 780  
 TTTAAAGATG AAGGATTGAC TGAAGAAGAT GTTCTGAACA AGATGAGTAC TAAAACCTAT 840  
 ACAAAGCCT TACAAGATAT ATTTGAGAA ATCAATGGTG AAGATGAAGA AGATTCAGAA 900  
 50 ACTGAACCAG AAGAGATGGG AAAGACAGAA GAACAATCTC AATAAAAGAC ATTTTATCGA 960  
 ACATTAAGAA AATACAACGT TTCTGTATGG AGCAGTATGG GTGGACATTA ACTGAAGTCA 1020

## EP 0 786 519 A2

AAGAAAAACA AAGTGAACAA AAAGTCATTA CAGGTACGGA TTTAAGAAAA CTTTTTGGAA 1140  
 GCTAGAAAGG AGGTTAATAT GAATGAAAAA GTAGAAGGCA TGACCTTGGA GCTGAAATTA 1200  
 5 GACCATTTAG GTGTCCAAGA AGGCATGAAA GGTTTAAAGC GACAATTAGG TGTGTGTAAT 1260  
 AGTGAAATGA AAGCTAATCT GTCAGCATTG GATAAGTCTG AAAAATCAAT GGAAAAATAT 1320  
 CAGGCGAGAA TTAAGGGGTT AAATGATAGG CTTAAAGTTC AAAAAAAGAT GTATTCTCAA 1380  
 10 GTAGAAGATG AGCTTAAACA AGTTAACGCT AATTACCAAA AAGCTAAATC CAGTGTAATA 1440  
 GATGTTGAGA AAGCATATTT AAAGTTAGTA GAAGCCAATA AAAAAGAAAA ATTAGCTCTT 1500  
 15 GATAAATCTA AAGAAGCCTT AAAATCATCG AATACAGAAC TTAAAAAGC TGAAAAATCA 1560  
 TATAAACGTA CAAATCAACG TAAACAAGAT GCGTATCAAA AACTTAAACA GTTGAGAGAT 1620  
 GCAGAACAAA AGCTTAAAGAA TAGTAACCAA GCTACTACTG CACAACTAAA AAGAGCAAGT 1680  
 20 GACGCTTACA GAAGCAGTCC GCTAAGCATA AAGCACTTGT TGAACAATAT AAACAAGAAG 1740  
 GCAATCAAGT TCAAAAACTA AAAGTGCAAA ATGACAATCT TTCAAAATCA AATGATAAAA 1800  
 TTGAAAGTTC TTACGCTAAA ACTAATACTA AATTAAAGCA AACAGAAAAA GAATTTAATG 1860  
 25 ATTTAAACAA TACTATTAAG AATCATAGCG CTAATGTGCG AAAAGCTGAA ACAGCTGTTA 1920  
 ATAAAGAAAA AGCTGCTTTA AATAATTTGG AGCGTTCAAT AGATAAAGCT TCATCCGAAA 1980  
 TGAAGACTTT TAACAAAGAA CAAATGATAG CTCAAAGTCA TTTCGGTAAA CTGCAAGTC 2040  
 30 AAGCGGATGT CATGTCAAAG AAATTTAGTT CTATTGGAGA CAAATGACT TCCCTGGGAC 2100  
 GTACAATGAC GATGGGCGTA TCTACACCGA TTACTTTAGG TTAGGTGCA GCATTAAAAA 2160  
 CGAGTGCAAG CTTTGAAGGG CAAATGTCTC GAGTTGGAGC GATTGCACAA GCAAGCAGTA 2220  
 35 AAGACTTAAA AAGCATGTCT AATCAAGCGG TTGACTTAGG AGCTAAAAACA AGTAAAAGTG 2280  
 CTAACGAAGT TGCTAAAGGT ATGGAAGAAT TGGCAGCTTT AGGCTTTAAT GCCAAACAAA 2340  
 CAATGGAGGC TATGCCAGGT GTTATCAGCG CAGCAGAGC AAGTGGTGCA GAAATGGCTA 2400  
 40 CAACTGCAAC TGTAATGGCT TCAGCGATTA ACTCTTTCGG TTAAAAAGCA TCTGATGCAA 2460  
 ATCATGTTGC TGATTTACTT GCGAGATCAG CAAATGATAG TGCTGCAGAT ATTCAATATA 2520  
 TGGGAGATGC ATTAATAATAT GCAGGTACTC CAGCAAAAGC ATTAGGAGTT TCAATAGAGG 2580  
 45 ACACTTCTGC AGCAATTGAA GTTTTATCTA ACTCAGGTTT AGAGGGGTCT CAAGCAGGTA 2640  
 CTGCATTAAAG AGCTTCGTTT ATTAGGCTAG CTAATCCAAG TAAAAGTACA GCTAAGGAAA 2700  
 50 TGAAAAAATT AGGTATTCAT TTGTCTGATG CTAAAGGTGA GTTGTGTTGA ATGGGCGAAT 2760  
 TGATTAGACA GTTCCAAGAT AACATGAAAG GCATGACGAG AGAACAAAAA TTAGCAACAG 2820

55



## EP 0 786 519 A2

CAGATAAAAT TAATAGCTAT AGCAAATCAT TGAAGAACTC TAATGGTGAA AGTAAAAAAG 2940  
 CAGCTGATTT GATGAAAGAT AACCTCAAAG GTGCTCTGGA ACAATTAGGT GCGCTTTTGG 3000  
 5 AATCGTTAGC AATTGAAGTT GGTAAAGATT TAACGCCTAT GATTAGAGCA GGTGCGGAAG 3060  
 GATTAACAAA ATTAGTTGAT GGATTTACAC ATCTTCCTGG TTGGGTTAGA AAGGCTTCGG 3120  
 TAGGCTTAGC AATTTTGGT GCATCTATTG GTCCTGCTGT TCTTGCTGGT GGCTTATTAA 3180  
 10 TACGTGCAGT TGGGAGCGCG GCTAAAGGCT ATGCATCATT AAATAGACGC ATTGCTGAAA 3240  
 ATACAATTCT TTCTAATACC AATTCAAAAG CAATGAAATC TTTAGGTCTT CAAACATTAT 3300  
 TTCTTGGTTC TACAACAGGA AAAACGTCAA AAGGCTTTAA AGGATTAGCC GGAGCTATGT 3360  
 15 TGTTTTAATTT AAAACCTATA AATGTTTTGA AAAATTCTGC AAAGCTAGCA ATTTTACCGT 3420  
 TCAAACTTT GAAAAACGGT TTAGGATTAG CCGCAAAATC CTTATTTGCA GTAAGTGGAG 3480  
 20 GCGCAAGATT TGCTGGTGTA GCCTTAAAGT TTTTAAACAG ACCTATAGGT GCTACAATAA 3540  
 CTGCTATTAC AATTGCATAT AAAGTTTTTA AAACCGCATA TGATCGTGTG GAATGGTTCA 3600  
 GAAACGGTAT TAACGGTTTA GGAGAAACTA TAAAGTTTTT TGGTGGCAAA ATTATTGGCG 3660  
 25 GTGCTGTTAG GAAGCTAGGA GAGTTTAAAA ATTATCTTGG AAGTATAGGC AAAAGCTTCA 3720  
 AAGAAAAGTT TTCAAAGGAT ATGAAAGATG GTTATAAATC TTTGAGTGAC GATGACCTTC 3780  
 TGAAAGTAGG AGTCAACAAG TTTAAAGGAT TTATGCAAC CATGGGCACA GCTTCTAAAA 3840  
 30 AAGCATCTGA TACTGTAAAA GTGTTGGGGA AAGGTGTTTC AAAAGAAACA GAAAAAGCTT 3900  
 TAGAAAAATA CGTACACTAT TCTGAAGAGA ACAACAGAAT CATGGAAAAA GTACGTTTAA 3960  
 ACTCGGGTCA AATAACAGAA GACAAAGCAA AAAAAGCTTT GAAAATTGAA GCGGATTTAT 4020  
 35 CTAATAACCT TATAGCTGAA ATAGAAAAA GAAATAAAAA GGAAGCTGAA AAAACTCAAG 4080  
 AACTTATTGA TAAGTATAGT GCATTCGATG AACAAGAAAA GCAAAACATT TTAAGTAGAA 4140  
 CTAAAGAAAA AAATGACTTG CGAATTAAAA AAGAGCAAGA ACTCAATCAG AAAATCAAAG 4200  
 40 AATTGAAAGA AAAAGCTTTA AGTGATGGTC AGATTTTACA AAATGAAAGA AAAGAAATTG 4260  
 AAAAGCTTGA AAATCAAAGA CGTGACATCA CTGTTAAAGA ATTGAGTAAG ACTGAAAAAG 4320  
 45 AGCAAGAGCG TATTTTAGTA AGAATGCAAA GAAACAGAAA TGCTTATTCA ATAGACGAAG 4380  
 CGAGCAAAGC AATTAAAGAA GCAGAAAAAG CAAGAAAAGC AAGAAAAAAA GAAGTGGATA 4440  
 AGCAGTATGA AGATGATGTC ATTGCTATAA AAAATAACGT CAACCTTTCT AAGTCTGAAA 4500  
 50 AAGATAAATT GTTAGCTATT GCTGATCAAA GACATAAGGA TGAAGTAAGA AAGGCAAAAT 4560  
 CTAAAAAAGA TGCTGTAGTA GACGTTGTTA AAAAGCAAAA TAAAGATATT GATAAAGAAA 4620

55

## EP 0 786 519 A2

GTTGGTGGTC TAACTTTAGA GAAGACCAAA AGAAGAAAAG TGATAAATAC GCTAAAGAAC 4740  
 AAGAAGAAAC AGCTCGTAGA AACAGAGAAA ATATAAAGAA ATGGTTTGA AATGCTTGGG 4800  
 5 ACGGCGTAAA AACTAAAACCT GGTGAAGCCT TTAGTAAAAT GGGCAGAAAT GCTAATCATT 4860  
 TTGGCGGCGA AATGAAAAAA ATGTGGAGTG GAATCAAAGG AATTCCAAGC AAATTAAGTT 4920  
 CAAGTTGGAG CTCAGCCAAA AGTTCGTAG GATATCACAC TAAGGCTATA GCTAATAGTA 4980  
 10 CTGGTAAATG GTTTGGAAAA GCTTGGCAAT CTGTTAAATC GACTACAGGA AGTATTTACA 5040  
 ATCAAATAA GCAAAAGTAT TCAGATGCCT CAGATAAAGC TTGGGCGCAT TCAAAATCTA 5100  
 TTTGGAGAGG CACATCAAAA TGGTTTAGCA ACGCATATAA AAGTGCAAAG GGTGGCTAA 5160  
 15 TAGATATGGC TAATAAATCG CGCTCGAAAT GGGATAATAT TTCTAGTACA GCATGGTCGA 5220  
 ATGCAAAATC CGTTTGGAAA GGAACATCGA AATGGTTTAG TAACTCATAC AAATCTTAA 5280  
 AAGGTTGGAC TGGGGATATG TATTCAAGAG CCCACGATCG TTTTGATGCA ATTTCAAGTT 5340  
 20 CGGCATGGTC TAACGCTAAA TCAGTATTTA ATGGTTTTAG AAAATGGCTA TCAAAAACAT 5400  
 ATGATTGGAT TAGAGATATT GGTAAAGACA TGGGAAGAGC TGCGGCTGAT TTAGGTAAAA 5460  
 ATGTTGCTAA TAAAGCTATT GCGGTTTGA ATAGCATGAT TGGCGGTATT AATAAAATAT 5520  
 25 CTAAAGCCAT TACTGATAAA AATCTCATCA AGCCAATACC TACATTGTCT ACTGGTACTT 5580  
 TAGCAGGAAA GGGTGTAGCT ACCGATAATT CAGGAGCATT AACGCAACCG ACATTTGCTG 5640  
 30 TATTAAATGA TAGAGGTTCT GGAAACGCCC CAGGTGGTGG AGTTCAAGAA ATAATTCACA 5700  
 GGGCTGACGG AACATTCCAT GCACCCCAAG GACGAGATGT GGTGTTCCA CTAGGAGTTG 5760  
 GAGATAGTGT AATAAATGCC AATGACACTC TGAAGTTACA GCGGATGGGT GTTTTGCCAA 5820  
 35 AATTCCATGG TGGTACGAAA AAGAAAAAAT GGATGGAACA AGTTACTGAA AATCTTGGA 5880  
 AAAAAGCAGG GGAATTCCGT TCTAAAGCTA AAAACACAGC TCATAATATC AAAAAAGGTG 5940  
 CAGAAGAAAT GGTGAAGCG GCAGGCGATA AAATCAAAGA TGGTGCATCT TGGTTAGGCG 6000  
 40 ATAAATCGG CGATGTGTGG GATTATGTAC AACATCCAGG GAACTAGTA AATAAAGTAA 6060  
 TGTGAGTTT AAATATTAAT TTTGGAGGCG GACTAACGCT ACAGTAAAAA TTGCTAAAGG 6120  
 CGCGTACTCA TTGCTCAAAA AGAAATTAGT AGACAAAGTA AAATCGTGGT TTGAAGATTT 6180  
 45 TGGTGGCGGA GCGATGGAA GCTATCTATT TGACCATCCA ATTTGGCAA GGTTTGGGAG 6240  
 TTACACAGGT GGAATTAACT TTAATGGCGG TCGTCACTAT GGTATCGACT TTGGTATGCC 6300  
 50 TACAGGAACG AACATTTATG CTGTTAAAGG CGGTATAGCT GATAAAGTAT GGAATGATTA 6360  
 CGGTGGCGGT AATTCTATAC AAATTAAGAC CGGTGCTAAC GAATGGAAT GGTATATGCA 6420

55

## EP 0 786 519 A2

	ATCAGGTGCT ACAGGTAATT TCGTTAGAGG AGCACACTTA CATTTCCAAT TGATGCAAGG	6540
	GTCGCATCCA GGGAAATGATA CAGCTAAAGA TCCAGAAAAA TGGTTGAAGT CACTTAAAGG	6600
5	TAGTGGCGTT CGAAGTGGTT CAGGTGTTAA TAAGGCTGCA TCTGCTTGGG CAGGCGATAT	6660
	ACGTCGTGCA GCAAAACGAA TGGGTGTTAA TGTTACTTCG GCTGACGTAG GAAATATCAT	6720
	TAGCTTGATT CAACACGAAT CAGGAGGAAA TGCAGGTATA ACTCAATCTA GTTCGCTTAG	6780
10	AGACATCAAC GTTTTACAGG GCAATCCAGC AAAAGGATTG CTTCAATATA TCCCACAAAC	6840
	ATTTAGACAT TATGCTGTTA GAGGTCACAA CAATATATAT AGTGGTTACG ATCAGTTATT	6900
15	AGCGTTCCTT AACAAACAGAT ATTGGCGCTC ACAGTTTAAAC CCAAGAGGTG GTTGGTCTCC	6960
	AAGTGGTCCA AGAAGATATG CGAATGGTGG TTTGATTACA AAGCATCAAC TTGCTGAAGT	7020
	GGGTGAAGGA GATAAACAGG AGATGGTTAT CCCTTTAACT AGACGTAAAC GAGCAATTCA	7080
20	ATTAAC TGAA CAGGTTATGC GCATCATCGG TATGGATGGC AAGCCAAATA ACATCACTGT	7140
	AAATAATGAT ACTTCTACAG TTGAAAAATT GTTGAAACAA ATTGTTATGT TAAGTGATAA	7200
	AGGAAATAAA TTAACAGATG CGTTGATTCA AACTGTTTCT TCTCAGGATA ATAACCTAGG	7260
25	TTCTAATGAT GCAATTAGAG GTTTAGAAAA AATATTGTCA AAACAAAGTG GGCATAGAGC	7320
	AAATGCAAAT AATTATATGG GAGGTTTGAC TAATTAATGC AATCTTTTGT AAAAATCATA	7380
	GATGGTTACA AGGAAGAAGT AATAACAGAT TTTAATCAGC TTATATTTTT AGATGCAAGG	7440
30	GCTGAAAGTC CAAACACCAA TGATAACAGT GTAAC TATTA ACGGAGTAGA TGGTATTTTA	7500
	CCGGGCGCAA TTAGTTTTGC GCCTTTTTTCA TTAGTATTAA GGTTTGGCTA TGATGGTATA	7560
35	GATGTTATAG ATTTAAATTT ATTTGAGCAT TGGTTTAGAT CTGTGTTTAA TCGCAGACAT	7620
	CCTTATTATG TTATTACTTC TCAAATGCCT GGTGTTAAAT ATGCAGTGAA TACAGCTAAT	7680
	GTTACATCTA ATTTAAAAGA TGGTTCCTCA ACTGAAATTG AAGTAAGTTT AAATGTTTAT	7740
40	AAAGGGTATT CTGAATCAGT TAATTGGACC GATAGCGAGT TCTTATTCGA CTCTAATTGG	7800
	ATGTTTGAAA ATGGAATTCC TCTTGATTTC ACACCTAAAT ATACTCATAC ATCAAATCAA	7860
	TTTACTATTT GGAACGGTTC TACTGATACG ATAAATCCAC GATTCAAGCA CGATTTGAAA	7920
45	ATATTAATTA ATTTAAATGC GAGTGGAGGA TTTGAACTGG TTAATTATAC AACAGGTGAT	7980
	ATTTTTAAGT ACAACAAAAG TATAGATAAA AACACTGATT TTGTTT TAGA TGGTGTGTAT	8040
	GCATATCGAG ATATAAACAG AGTGGGAATT GATACAAATA GAGGCATTAT AACATTAGCG	8100
50	CCAGGTAAAA ATGAATTTAA GATTaAAGGA GACGTCAGTG ATATTAAAAC TACATTTAAG	8160
	TTTCCTTTTA TTTATAGGTA GGTGATTTAA TGGATTATCA TGATCATTTA TCAGTAATGG	8220

55

	ATTATGAACT GAATGAAGCT AGGTACATCA CCTTTACAGT TTATAGAACT ACTCATAATA	8340
	GTTTTGTTTT TGATTATTG ATTTGTGAAA ACTTCATAAT TTATCATGGT GAAAAATACA	8400
5	CAATTAAGCA GACAGCGCCA AAGGTTGAAG GTGATAAAGT TTTTATTGAA GTTACGGCAT	8460
	ATCACATAAT GTATGAATTT CAAATCACT CAGTGAATC AAATAAGCTT GATGACGACA	8520
	GTAGCGAAAC TGGTAAAACG CCAGAATACT CTTTAGATGA GTACTTAAGA TATGGATTTG	8580
10	CAAAATCAAAA AACGTCAGTC AAGATGACCT ATAAAATAAT TGGAGATTTT AAAAGAAAAA	8640
	TACCAATTGA TGAATTAGGT AATAAAAATG GCTTAGAATA TTGTAAAGAA GCAGTAGATT	8700
	TGTTTGGTTG TATTATTTAT CCAAATGATA CGGAGATATG TTTTATTCTT CCTGAAACAT	8760
15	TCTATCAAAG AAGCGAAAAA GTAATAAGGT ATCAATATAA TACTGATACT GTGTCTGCTA	8820
	CTGTCACTAC GTTGAATTA AGAACAGCTA TAAAAGTTTT TGGGAAAAAG TACACAGCCG	8880
20	AGGAAAAGAA AAATTATAAT CCTATTAGAA CAACTGACAT TAAATATTCA AATGGTTTTA	8940
	TAAAAGAAGG TACTTATCGT ACCGCAACAA TTGGGTCTAA AGCTACTATT AACTTTGATT	9000
	GCAAGTATGG TAATGAAACA GTTAGATTTA CAATAAAaAA GGGCTCTCaA GGTGGAATAT	9060
25	ATAAGTTGAT TTTAGACGGC AAGCaAATTA AGCaAATTTT TGTTTTTGCT AAGTCGGTTC	9120
	AGTCTGAmAC AATAGATTTA ATAAaAAAATA TTGATAAAGG CAAGCACGTT TTAGAAATGA	9180
	TATTTTTTrGG AGArGrCCCC AAAAATAGAA TTGATATATC TTCAAATAAA AAAGCTAAGC	9240
30	CTTGTATGTA TGTTGGAAC TAAAAATCAA CAGTCTTAAA TTTAATTGCT GACAACTCAG	9300
	GTCGCAATCA ATACAAAGCA ATTGTTGaCT ACGTCGCAGA TAGTGCAAAG CAGTTTGGGA	9360
35	TTGATATGTC TAATACGCAA ACAAATGAAG ATATCGAAAC ACAGGATAAG CTGTTAGAAT	9420
	TTGCAAAAAA GCAAATAAAT GATACTCCTA AGACTGAATT AGATGTTAAT TATATAGGTT	9480
	ATGAAAAAAT AGAGCCAAGA GATAGCGTAT TCTTTGTTCA TGAATTAATG GGATATAACA	9540
40	CTGAATTAAA GGTGTGTTAA CTTGATAGGT CACATCCATT TGTAACGCA ATAGATGAAG	9600
	TGTCTTTCAG CAATGAAATA AAGGATATGG TACAAATTCA ACAAGCGCTT AACAGACGAG	9660
	TTATTGCACA AGATAATAGA TATACTATC AAGCAAATCG TATAAATCAT TTATACACTA	9720
45	GTACTTTGAA TTCTCCTTTC GAGACAATGG ATATAGGGAG TGTATTAATA TAATGGCAAC	9780
	AGAAGAAGTT AAAATCAAAG CGCTACTTGA AAACGATAAA C	9821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 471:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1017 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 471:

5 TTATTGTTTT CCAATGGTC TTCTCGGTTA TTTAACCATC GGTTCATC CTACGTGCTT 60  
 CACTTTCTAT CATTAAATTC AATTTCAGCT TGACCACCCG CTGTATAAAG GGTCAAAGTT 120  
 GCTAATCGAT AGCGTCTCAT TATAGGACCA ACATCGATAT CAATATTTTG AATACGAAAA 180  
 10 TATGGTATTA CCTTTTCATC CAAAAATAAA ATGCCGTTTC GTACACGCAA ATGGTGTTTT 240  
 TCAAATGCAT ATCTGCAGTG CTTATATCGA TAGACTGGCG CTATAACAAG CGTGAAAACA 300  
 GCAACAAGTA ATATTATAAT CACACTACTA ACAATGGATA AATGGTTATC TAAAATCTCC 360  
 15 CAAATAGCC AGTTCAAAT ATTAAATGCG ATTAAAAGTA CAAGCGCTAT GGGTATCCAA 420  
 AACAGCACAG CACTTAACCT CATCACTTTT TTAGCGTGTG GTGACATAAA ATTATAATCC 480  
 CTCATCATT TCACTCTTA AATACCATGA TTTCAATTTA TTTGCATCTT CACTTCTTGC 540  
 20 GTATTTTAAG TTAATCGATT GGGCTCCAC ACCTTTAGCA ACAATAAAGC TAAAATTATT 600  
 TAAATTGTTG CGTTTAAGTA ATGTATGTTG CCAAGTGTCA AATCCTATAA TGTGATGCGC 660  
 25 TTTAAATAA TAAATATTTT GTTCAATAG CTCGAAATTC TGGATAGTAA TTTGTTCTTC 720  
 TGTCATTTTA AAACCCGCAT GTTTGACATA AAGATATCCT TTGATCACAA ATAAACCAAT 780  
 AATGACTATT GTTATAATCG TAAATAACAA TAATAATTGA TTCCAAAAAT AACAGCCTAT 840  
 30 ACCTGCCATA GCTATGACAA TAATACTAGG TATTAAAAAG TGTCTGTGGA AACCTGACAA 900  
 AGGCATACCT TCATTAACCT GTTGATAAGA TAAATCTGGT ACTAAATTCT GGATAATTTG 960  
 ATATGCTTTG TCTCGTTTAA TAAACGGCA TATCGGCACA CTACCTGAAT CATTGTC 1017

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 472:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6806 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 472:

45 TAGGATTGAT TAATCCTTTC TTCAAATGA TGAATGTGTA ATGTTAAATA TATAATTTCA 60  
 GACTCACTGA TATTAAATC AAATTGTTTT TGTATCATAG TTAAATTTT ATATGCTGTG 120  
 50 TTATAGCAA TCGGATAGTG ATTTTAAATC ATAGACACAA AATCATCTTG TGCATGTATA 180  
 TATTCTTTTC TTCTTAATCG GCGAATTAAA AATTGTACGT GCCTTATAAA ACGTTGGTAT 240

## EP 0 786 519 A2

	TTAATAACAT TATTnGATCA AGGTCATCTC ATGCATAGAT AAATCTTCTG TATTaGATGC	360
	AATATGTAAT GCAATAAATC CTATCTCATC TTCAGGaAAA TGTaCATCTA ATGCTGCATT	420
5	TAACTGATCA ATCACCTGTT TAGCAATATG ATATGCATCA CTATATAACT GCATAGTTTC	480
	CATAACAAAT GGATTGCTAA TAACTTGATT TTGTTTTAAG CGTTTATAAG CAAATATAAT	540
	ATGATCCGTT AATGAAACTA CAAGTTGTTT TGAATCAACA TTCATCGCAG TATTAGAAAT	600
10	AAAATTCAAC GAATCAATAA TTACTTGTA TACATTATCA TCAGCGATTT CAACTAACT	660
	TTTATAATGT GCTTTTGTGTT GCTCACTTTC TAATTTATAA ATTTTCTCTA TTGTAATAGT	720
15	TTGGTCGTTT AACGCCATTC CCTCTTTTTT GTTAAAACCA ATACCTTTAC CGATTAAAT	780
	AACTTCTTGA TCATTATTAG TACATACTAC GACATTGTTG TTCAATGTTT TAGTAACAA	840
	ATATTCTCCC ATTATCATCA CCTATTTTTT TATTATTAAG ATTATATATC GGAAATGTCT	900
20	AACTTGAAAG TATAATAATT TAAATACTTG TGTTCTATTA CACGCCTATC CTATATGATA	960
	TATCTTAATT TAATTTGAT GTCTCTCAA GTGGAATAAC TATAATAAAA AAATCTGACT	1020
	CCCATATTTA CAAATAATTC TATTTATTTA TATATTATCT GAATTAATAC TCAATACAA	1080
25	CTAAAACGTA CTATTAAATT GTGCAAAGCT AAAACAAATT TATATTCATC TATCCAACAA	1140
	TATGTCTTAT CAATGGTATA GTCTTTGCAC ACCAATGGAG GAAATAAATC TCAACCTTAC	1200
	TATATTAAATA TATAATCAAA TCTTAGATTA ACTAGTGTA TGATACAGAT GATAATTGAG	1260
30	TACAAATTTA AAACCTGAG ATTTTCGCTT TAATTTGAAA ACCTCAGGGT TTATTTGATT	1320
	TTTATATAAT GAATCGTTAC ATTAAAAATA TTTATTTATC AGAGTTCTTA TATTTGTTAG	1380
	CGCCCCAAGC ACTAATTCCA AATAAGTTAA TTTCTAAGTT TTCAGGTTTA AAGACAGGGT	1440
35	TCTTGCCTTC TTTTTTCTGC TTTTGATAAT CTTTCATCAA TGCAAAGCT ACATTGGACA	1500
	GTCCTATAAT GGAAATAATG TTTACAATTG CCATTAAGCC CATAAATAAG TCTGCCGTAT	1560
40	TCCATACTGT TTCTGTTTTT ACAACTGCAC CGACAAAGAC AAGTACTACA ACAAGACATC	1620
	TAAAGATAAA TAATATTACA CGGTTTGTTG ATAAAAATTC AATATTAGAT TGACCGTAAT	1680
	AGTAATTACC TACAACAGAT GAAATGCAA ACAGTGTAAC tGCTaTTGTT AAGAAAATAC	1740
45	CTCCAGCAGA ACCTAAATGC TCATTAAAGTG CTGATTGAGT AACTGCAACA CCTTGAGGTG	1800
	CGTTATCACC AAATTTCAGT CCTGAATATA GTAAAATCAT GATTGCAGTT GCTGTACAAA	1860
	CCAACATTGT ATCAAAGAAC ACACCTAATG ATTGGATTAA ACCTTGCTTA ACAGGGTGTG	1920
50	GTACGGCAGC AGTTGCCGCT GCATTCCGGC CAGAACCCAT ACCAGCTTCG TTAGAGAATA	1980
	AACCACGTTT GATACCTTGA AGAACCGCAG CACCTACAGC GCCACCAGTT ACTTGTTCGA	2040

55

## EP 0 786 519 A2

	GCAATATTAC TAAAACCATA CCAATGTAAA TGATAGCCAT AATCGGTACA ATTAACGAAG	2160
	ATAACGTAGC AATACTACGT ACACCACCAA ATATAATAAT AGCTGTTACG ATTGCTAAAA	2220
5	TAATACCTGT GATTACTGGA CTAATATTAT ATTGCGTATT TAACGACTCC GCAATTGTAT	2280
	TAGATTGCAC TGTGTTAAAT ACAAATGCAA ATGTAATTGT AATTAAAATC GCAAATACGA	2340
	TACCTAGCCA TTTTGTATTT AAACCTTTAG TAATATAGTA AGCTGGACCA CCACGGAATC	2400
10	CACCATCTTT ATCATGTACT TTATAAACCT GAGCCAAAGT CGCTTCTATA AATGCACTCG	2460
	CTGCACCTAT AAATGCAATA ACCCACATCC AAAATACTGC ACCTGGACCG CCTAAAACAA	2520
	TCGCAGTCGC AACACCAGCA ATATTACCAG TACCAACTCT CGAACCAGCA CTAATCGCAA	2580
15	ATGCTTGGA TGGCGAAATA CCCTTCTTAC CATCTTCTAA AGTTTCTGGA CGTTCTACTA	2640
	AAGCTCTAAA CATTTTCAGGT AACATTCGTA ATTGAACGAA TTTAGAACTA ATCGTAAAGA	2700
20	AGAATCCAGC TGTCAATAAT AGACCAATTA AATATTGAGA CCATATTAAA TCGGTACCAA	2760
	CATGGACAAA TTCTTTAAAC CATCCAGGTA TTAACTATC GAAATCTTTC AAAATAAACC	2820
	CCTCGCATCC TCTACATGAA TCATGTACCT TCTATAAAAT TAGACCGAAT TGAACCTTCA	2880
25	GTAAATATAG AGATACATCA TCATTTCTTA TACAATACAA GAGATTTATA TTAGTTTGGT	2940
	CAAAGTATAT CGCTAATTTA ACGATAAGTA CTTGGTCAGC ATTTAATATA AATCCCTTGA	3000
	ATTTAGTCAA AATTTAACAT TACTGTATTT TATCATTTAA TTTCGTGATT GCATATAGTT	3060
30	TTTAGCTAAT ATACATGTCT ATTACTTCAC CAAAATCATC TGTATCTACA ATGAATGAGC	3120
	CATTTGTATA TTGTTTCAGAT TTATGAATAT CATTAAATTA ACCATGTTCT TCATTTGATT	3180
	TTGAATATAA TGTATATTGA CTATGTTTAC CTGTCACTAC ATGTGCAGCT ACAATACGAT	3240
35	GTGGATTTTT CTTTAATTCT TTTAATAAAG TTATTCCaCG TTGTGCTCTT TTAGCAACTT	3300
	GTAAGATTTT AAAACTAATA CGTTTAAACG AGCCGCGTTG TGTGGCCATC AATATAGTAT	3360
	CATTTTCAGA AACACCTTCT GTCATAACAA CGAAATCTTC AGCTTTAAGA TTTATTGATT	3420
40	TAACACCAGC TGCCCTTAAT CCGGTATCTG ATAGTTCACT TGTATTATAC GTTAATGACA	3480
	TACCTTTATT AGTAATGACG GTAATTAATT GATCTTTTTT AAAGCGCATA AACTAATCA	3540
45	AATCATCATT TTCTTTAACT TTAGTAGCAA TTAAAGGTTT ATTAAAACGC GTTGTTTTAA	3600
	ATAGAGGCAC TGTACTTTTC TTAATCATGC CATTTTGAGT CGCAAAAACA TAAAATGCAT	3660
	CTGTATTAAA GTCCTTTTCA TTAAAGACAT TAATAACCAC TTCATCTTCT TCGATAGGAA	3720
50	CTATTTGTGA TACATGTTGT CCCAATTCTT TCCAACGAAT ATCTGCTAAT TTATGAACCG	3780
	GTATAAATAG ATAACGACCT TTATTTGTAA ATACTAGTAC GGTATCTTGC GTATTTACTT	3840

55

	TAAAGCTACG AATAGAAGTA CGTTTAATAT ATCCATGACG TGTCACTACTT AAAATAACTy	3960
	CTTCACTAGG CACCATAACT TCTTTGTCAA TTTTAATTTT TCAATTTCT GCTTCAATTA	4020
5	AAGACAGTCG TTCAGATTTG AATTTCTTTT TAATTTTCATT CAATTCCTCT TTTATGACAT	4080
	TCAATAATGC ATCATGGTTA TCAAGAATAT GACGTAATTG TTTGATTAAAT GCTTCAAGTT	4140
	CTTTATGTTT ACCTTCAAGC GCAACTATGT CAGTATTTGT TAAACGATAT AACTGTAACA	4200
10	TTACAATTGC TTCAGCCTGT TCTTCTGTGA ACTCGTATAC TTCGATAAGG TTTTCTTTAG	4260
	CGTCACGCTT GTTTTTAGAG CwACGAATCA ATTCGATTAC TTTATCTAAA ATTGACAACG	4320
	CTTTAATCAA ACCTTCAACG ATATGCATAC GTTTTTCTGC ATTATCTAAT TCAAACCTCG	4380
15	TTCTATTGTC AACCACTCA ATTTGGTGAT TCAAATAACT ATCTATAATT TGACGAATAC	4440
	CCATCAATTT TGGACGACCA TCACTAATAG CGACCATGTT GAAATTATAT GAAATCTGTA	4500
20	AATCAGAGTT TTTATAAAGA TAATTTTGA TTGATTCACT GTTCACATCT TTTTCAATT	4560
	CAATTGCTAT TCGTAAACCA GTTCTATCAG TTTCATCAG TACTTCAACG ATACCATCGA	4620
	CTTTTTTGTC AGCACGTAAT TCATCGATAC GTTTTACTAA GCTACTTTTG TTCATTTCAT	4680
25	ATGGAATTTT AGTAATAATT AACTGTTTAC GTCCATTGCG TAAAGTTTCT TCTTCAACTT	4740
	TAGAACGAAC TATAATTCTA CCTTTACCTG ATTCATAAGC TTTTTAATA CCATCAATAC	4800
	CTTGAATAAT ACCACCAGTT GGAAAATCAG GACCTTTAAT ATATTTTCATT AATTGATTGA	4860
30	CTGTAATATC CGGATTATCA ATATATTTAA GTGTTGCTTG AATCACTTCA GCTAAATTAT	4920
	GTGGTGATAT ATCTGTCGCG TAACCTGCAG ATATACCTGT AGAACCATTG ACTAGTAAGT	4980
	TAGGAAATCT TGATGGCAAT ACCATTGGTT CGAGTGTCGT ATCATCATAG TTTGGAATGA	5040
35	AAGAACTGT CTCTTTATTA ATATCACGTA ATAACCTCTT AGCTAGTAAG CTTAACCTAG	5100
	CTTCAGTGTA ACGCATTGCC GCTGGCGGAT CATTATCGAT ACTACCATTA TTACCATGCA	5160
	TTTCTATTAA GACATGTCGT AACTTCCAGT CTTGACTTAA ACGGACCATT GCTTCGTACA	5220
40	CTGAGGAGTC TCCATGTGGA TGATATTGAC CAATAACATC ACCGACTGTT TTCGCACTTT	5280
	TACGGAAATT TTTATCGTGT GTATTACCAC TTGAATACAT TGCATATAAA ATACGACGTT	5340
45	GTACTGGTTT TAAACCATCA CGAACATCTG GCAATGCACG CTCTTGAATA ATATATTTAC	5400
	TATATCTTCC AAAGCGATCA CCTAAAACAT CTTCAAGTGA TAAATCTTGA ATTATTTAC	5460
	TCACTAGATT TCCTCCTCAT CAAATTGATC ATTTTCAAGC ACTTGACTT CAGAATTATC	5520
50	TAAAATACTT TGGTCCTCTT GCATACCAA CTCAACATGC TTTTCAATCC ATTCACGTCT	5580
	AGGTTGTACT TTGTCACCCA TTAATGTTGT TACACGTTTA GATGAACGCA CTTCATCTTC	5640

55



EP 0 786 519 A2

	AGGGTTCATT TCACCCAAAC CTTTGTAACG TTGTAACGTG AaGCCTTTAC CAAGTTCCTT	5760
	TTGCAATTTA TTAAGCTCTT CGTCTGTCCA AGCGTATTCA ACTCGCTTTG TTTTGCCTTT	5820
5	ACCTTTTTCC AATTTATAAA GTGGAGGTAA AGCAATAAAT ACACGACCTG CTTGAACAAG	5880
	CGGTTTCATA TATTTGAAGA AGAATGTTAA CAATAGCACT TGAATATGCG CACCATCAGT	5940
	ATCAGCATCA GTCATAATAA TTACACGATT ATAATTACTA TCTTCAATTT TAAAGTCAGT	6000
10	ACCAACGCCT GCCCGATTG TGTGGATAAT TGTATTAATT TCTTCATTTT TAAAAATATC	6060
	TTCTAGACGT GCTTTCTCTG TATTAATTAC CTTACCACGT AATGGTAATA TCGCTTGGAA	6120
	TTTGCGGTCT CGTcCAAGTT TTGCTGAACC TCCCGCAGAA TCACCTTCGA CTAAATACAA	6180
15	TTCATTTTTT TCAGTGTTTT TACTTTGTGC AGGTGTTAAT TTACCAGATA GCAAAGTGTC	6240
	TTTACGCTTG TTTTTCTTAC CTGAACGAGC ATCTTCACGA GCTTTACGTG CAGCTTCCCT	6300
20	TGCTTGTTGT GCTTTAATCG CTTTTTTCAC AAGTGATTTA GACAATTGTC CTTTTCTTC	6360
	TAAATAGAAT GGCAATTTGT CTGCAACAAC TGAATCAACA GCACTTCTAG CTTCAGAAGT	6420
	ACCCAATTTA GATTTTCGTTT GTCCTTCAA TTGCAATAAT TCTTCTGGAA TACGAACAGA	6480
25	CACAACAGCT GTTAAACCTT CACGAATATC ATTACCATCT AAGTTTTTAT CTTTTGTTTT	6540
	AAGTTCATTA ATACGACGTG CATAATCATT AAATACACGT GTCATTGCTG TTTTAAAACC	6600
	AACTTCATGT GTACCACCAT CTTTAGTACG TACATTATTT ACAAACCTTA AAATACTTTC	6660
30	TGAATATTGA TCATTATATT GGAAAGCTAC GTCTACCTCT ATACCATTG CTTACCTGA	6720
	AAATGTAGCC ACGTCATGCA AAATTCTTT TCCTTCATTG ACATAACTAA CAAACTCTTT	6780
	GATTCCTTCT TATAATGGTA TGTCTT	6806

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 473:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1716 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 473:

45	GGGGCAnAAA TTCCAATACA CTCATTACCA AATATATACA CCACTTCCTG CTACAAGTnn	60
	TTTTACTTGA TCTTGGTCTT TTCCGCAGAA AGAGCATTTT CAAATTTTCT TCATCTTCCA	120
50	TTGAATTTAA ACATTCTTTT TACACCCCTA TTCGTAAAG ACTATACTAG ATTGGATGTT	180
	ACAATGCAAC ATATTAACAT ACAAACTTTT TGCTTAAAGA ATAGTAGCAG ATACATAAGC	240

CCTTCAACGA ACTTTGCGTT ATCTCTTAAT AAATCGATAA CTTTTTGGAT ACGAACATCA 360  
 TTTTAAATGA TATCAGTATT ACCTAAAGTA TTTTGTATAT CTTCAACTGA GATATTAAAT 420  
 5 TGTTTACTCA TTTTTTCTAA TTCTTTATCG ATATCTTCAT CAGTAGCTTC GATTTTTTCA 480  
 GCTTCAGCGA TCGCAGTTAA AGTTAAGTTA GTTTTAACAC GTTGTCTGTC ATCGTCTTTC 540  
 ATTTGCTCTC TTAATTGAGT TTCATCTTGA CCTGAGATTT GGAAGTACGT TTGTAAATCT 600  
 10 AAACCTTGTT GTTGAATTCT TTGTGCAAAT TCAGACACCA TACGATCTAA TTCAGTATTA 660  
 ACCATTGCTT CAGGAATATC GATTGTTGTA TTATCAGTAG CTTTGTGAAT CGCTTCTTCT 720  
 TTTTCAACAT TTTCAGCATC TGTAGCTTTT TGTTTCAGCTA AACGTTTACG TAAGTTTTCT 780  
 15 TTGTACTCGT CTACTGTATT TGCTTCTGCA TCTAATTCAT TAGCAATTTT ATCTGTTAAT 840  
 TCTGGGACTT CTTTAAATTT AATTTCTGTTA ACTTTTGTTT TGAAAGTTGC TTCTTTACCG 900  
 20 GCTAATTCCT CAGCATGGTA TTCTTCTGGG AATGTTACGA CAACATCTTT TTCTTCGTCA 960  
 ACTTTCATAC CTTCTAATTG CTCTTCGAAA CCAGGTATGA ATGAACCTGA ACCGATTCT 1020  
 AAATCGTAAC CTTCAGCTTG TCCACCTTCG AATTCTTCTC CGTCAACTGA ACCACTAAAG 1080  
 25 TCGATGTAA CTGTGTCGCC ATTTTCAACA ACACCATCTT CTTTAACGAC CATTTTCAGCT 1140  
 AAATGTCCTA AGCTGTGGTC AATCGCTTCT TGTAACCTCAT CATCAGATAA TTCAGTTTCT 1200  
 TGTTTTTCAA TTTCAAGACC TTTATAGTCT CCTAATTTAA CTTCTGGCTC AACTGTAACT 1260  
 30 GTTGCTTCAA AAATGAAATC TTTACCTTTT TCAATTTGAG TAACACTTAC TTCTGGTTGT 1320  
 GCAACTGGTT TAATATCAGT TTCGTCAATT GCTTCACCAT AAGCATCTGG TAATAAAATG 1380  
 TCGATAGCAT CTTGATATAA TGCTTCTACA CCAAAGCGTT GTTCAAAAAT TGGACGTGGC 1440  
 35 ACTTTACCTT TACGGAATCC AGGTACGTTA ATTTGTTTAA CCACTTTTTT GAATGCTTGA 1500  
 TCTAACGCTT TGTTTACTTT TTCTGCAGGA ACAGTAACAG TTAATAAACC TTCGTTACCT 1560  
 TCCTTTTTTT CCCAAGTTGC TGTCATGTAT ATATACCTCC ATGATTAACT AATTTATTTT 1620  
 40 TTCAACTTCC CTATTATATC ATACGTCTAT TCCCTATACA AACATTGAAA TCACAACGTT 1680  
 TATATATTG TAAATCAACT TTTTTCGTCA AAACCTA 1716

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 474:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 795 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	TGACCAAGTA CGTTTCGAAG TTGCCATTAA AGCATTAAAC CCATCATTGA AAGCATTTCGC	60
	ACCTGTACGT GAGTGGGCAT GGAGTCGTGA AGAAGAAATC GATTATGCAA TTAAACATAA	120
5	TATCCCTGTA TCAATCAACC ATGATTACCC TTATTCTATC GATCAAAATC TATGGGGCAG	180
	AGCGAATGAA TGTGGTATTT TAGAAGATCC TTATGCTGCG CCACCAGAGG ATGCGTTCGA	240
	TCTAACAAAT GCTTTAGAAG AAACACCAGA TACTGCTGAT GAAATCATT TAAACGTTTGA	300
10	TAAAGGCATC CCAGTTCAAA TTGATGGCAA AACATATGAA TTAGACGATT TAATTTTAAAC	360
	GTTGAATGCA TTAGCTGGTA AGCATGGTAT CGGAAGAATT GACCATGTAG AAAATAGACT	420
	TGTAGGTATC AAATCAAGAG AAATTTATGA GGCACCTGCT GCAGAAGTTA TTTTAAAAGC	480
15	GCATAAAGCA TTAGAAACGA TTACGTTAAC GAAAGATGTC GCACACTTTA AACCAATCAT	540
	TGAGAAGCAA TTTGCTGAAC AACTATACAA TGGACTTTGG TTCTCACCTT TAACTGATAG	600
	CTTGAAATTA TTTATTGATA GTACTCAGCA ATACGTAAGT GGTGATGTCA GAATTAAATT	660
20	ATTCAAAGGT AATGCCATCG TGAATGGTAG AAAATCACCT TACACATTAT ATGATGAAAA	720
	ATTAGCAACT TATACAAAAG AAGATGCATT TATCAAGAC GCTGCTGTTG GCTTTATCGA	780
25	TATCTATGGT TTACC	795

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 475:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 887 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 475:

	CGATTGAAAG AAGACGGTTC AGTTGAAAAG TTTCCAAAGC CAGTAATTAG CCAACAACCA	60
	GAAGGATATA CGAGTCATTT TAGAGATCCT AAAGTTTTTA AATATGATGr GAAATATTAT	120
40	GCAATCaTTG GTGmCaAAA TAATGATCaG CaAGGTCGAT TATTACTTTA TAATACTGAA	180
	GATATAATTA ATTGGCATT TTTAGGTGAA ATAAATACAG AGTTGGATGA TTTTGGATAT	240
45	ATGTGGGAAT GCCCAGATTA CTTTAATGTA GATAATCAAG ATGTCATACT TATTGTCCA	300
	CAAGGTATTG AACCAAAAGG CGATCAGTTC AAAAATATTT ATCAAAGTGG TTATATACTT	360
	GGAAAGTTTG ATATTGAAAA GTTAACATAT GAACATGAAA ATTTTGTGCA GCTTGATAAT	420
50	GGTTTTGATT TCTATGCACC TCAAACATTT TTAGATGAAA AAGGCCGACG AGTACTAATT	480
	GGATGGATGG GGTTACCGGA AATCGAATAT CCTACTGATA ATGAAGGATG GGCCCATTCG	540

GCGTTGGAAA AATTACGTCA CAATAAAGAG ACAGCATTtA GGctACGCAA ATAAATTTAC 660  
 TCGAAAATTA CATCCGTATG AAGGTAAACA GTATGAATTA ATCATAGATA TTTTGGATAA 720  
 5 TGATGCTACC GAAGTGTA CT TTGAATTACG TACATCTAAG ACTTCTTCAA CATTAAATTGC 780  
 TTATAACAAG CGTGAAAATA AAATAACATT AGATCGCAGC GACAGTGGTT TATTGCCGAC 840  
 AAATGTTGAA gGTACGACGC GTAGTACGAT ATTAGACACG CCATTAA 887

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 476:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1183 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 476:

TTGGAAnCAA AAAACCATTG GTAAACCGTG TtnAACCGGA TTTCCGATGG ACCTTTTAA 60  
 ACnACCAAAT AGAAAGCTTT GATAAAAGGT AATTATGGTA CTGATAACAA ACAAGTTCAA 120  
 25 AAACATCATG ATTTAGTACG TATGCTTTTG ATGGATCAAG ATGGTTTTTTT AACTGAAAAT 180  
 AATAAAGTTG ATCATTTTCAT TGATGGAAAT GATTTATATG ATCAAGTTTTT AAAAGATATT 240  
 AAAAATGCAA AAGATATATC CATTAGAGT ACwATACTTT CGCTTwAGAT GGTTwAGGTA 300  
 30 AAAGAATTTT ACATGCTTTA GAAGAAAAAT TGAAACAAGG TCTAGAAGTA AAAATATTAT 360  
 ATGATGATGT TGGATCTAAA AATGTTAAGA TGGCAAATTT TGATCATTTT AAATCGTTAG 420  
 GTGGAGAAGT TGAAGCATTT TTTGCTTCAA AATTACCGTT ATTGAATTC AGAATGAATA 480  
 35 ATAGAAATCA TAGAAAAATC ATCGTAATCG ATGGTCAACT AGGTTATGTC GGAGGATTTA 540  
 ACATTGGTGA TGAATATCTm GGATTAGGAA AATTAGGATA TTGGAGAGAT ACGCATTTAC 600  
 GTATACAAGG GGATGCGGTT GATGCACTGC AGTTGCGATT TATTTTAGAC TGGAATTCGC 660  
 40 AAGCGCACCG TCCACAATTT GAATATGATG TTAAGTATTT CCCTAAAAAG AACGGACCAT 720  
 TGGGCAATTC ACCAATTCAA ATAGCTGCAA GTGGCCCCGC TAGTGA CTGG CATCAAATTG 780  
 AATACGGTTA TACAAAAATG ATTATGAGTG CAAAGAAATC TGTATATTTA CAATCACCAT 840  
 45 ATTTCAATTC GGATAATTCA TATATaAATG CCATTAAAT TGCTGCTAAA TCAGGTGTAG 900  
 ATGTACATTT AATGATTCCA TGTAAGCCAG ATCATCCATT AGTATATTGG GCGACATTTT 960  
 50 CAAATGCCTC TGACTTATTA TCAAGTGGTG TTAaAATTTA TACGTATGAA AATGGATTTA 1020  
 TACATTCTAA AATGTGCTTA ATTGATGATG AAATCGTATC AGTGGGCACA GCAAATATGG 1080

CTAAAGATTT AAGGGTGGCT TATGAACATG ATATTACAAA ATC

1183

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 477:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2332 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 477:

GGTTATATGT TTGGTATTAC TCATTATATT GATTGGAGGT TGTGTCATTA TGACAAAAAC	60
AAATGGTCGA AACGCTCAAA TTAAAGAAAA TTTCACAAA ACATTAAGTG TATATCTAAC	120
CAAGAATCTC GATGATTTTT ACGATAAGGA AGGTTTTCGA GATCAAGAAT TTGATAAAAG	180
AGATAAAGGG ACTTGGATTA TTTATTCTGA AATGGTTATC GAACCAAAAG GGAANAATAT	240
GGAATCGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAa TCGCAATACT AGAACmACGA AGGGTAATTT	300
TATTGTCACC GAAATAACTG AAGATAGTAA AGGATATTCA CGTAGTAAAG AAAAAAATA	360
TCCTGTCAAG ATGGAAAATA ATCGAATTAT TCCAACAAAG CCTATACCGG ATGACAAGTT	420
AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT TGTACAATAT GGAAATTTTA AAGATTTTAA	480
AGATTATAAA AATGGTGATA TTTTCATATA TCCTAATGTG CCAAGTTATT CTGCAAAGTA	540
TCAATTGAAT AATGATGACT ATAATGTTCA ACAGTTAAGA AAACGATATC ATATTCCAAC	600
CAAACAAGCG CCCGAATTAA AATTGAAAGG ATCCGGCAAT TTAAAGGGCT CATCCGTAGG	660
ATCTAAGGAT CTAGAATTTA CGTTTGTAGA AAATCAAGAA GAGAATATCT ATTTTTCAGA	720
TTCGGTCGAA TTTACACCTA GCGAGGATGA TAAATCATGA GTCAAACGGA ATATCAAATA	780
AAATCTGGCA ATATAAAAGG TAACTCTGAA GAAACAAGTA CAGTATCTAA TATAAGTTAT	840
GAAATAGAAA ACGCAAATAA CAGTGGTTTA AAACAAAATA AAATTGATAA ACAAATTAAA	900
AAGTTACAAG AAAAAAATAA ATTCCCTAAA AATCTTTCAT ATCTTAAAAG TTATACGGAC	960
CCCAAAACAG GCACGACTAC AAGCGCCTTT TTAAATAAAG AACTGGCAA AGTTACTTTA	1020
GGTATGACAG GTACTAATGT ACACAAAGAC GCAATATTAA AACAAACATT TGGTGTTCCT	1080
TCATTACAAG GATATATAGA CGTGAGTGAA ACgCTaAAAG ATATTGGGGC CGATGTCAAT	1140
ATTGGCCTTC ATTCCGTCAC AGATAAAGAT CCACATTATA AAAATACCCA AGACTTTATC	1200
AAAAATATCA AAAAAGACTA TGATATTGAT ATTATTACCG GACATTCGCT GGGCGGTAGA	1260
GATGCGATGA TTTTAGGTAT GAGTAATGAT ATTAACATA TCGTTGTGTA TAATCCAGCT	1320

ATTGAAAAGT ACGATGGTCA CATTGTAAGA TTTGTGTCTG ATGAAGACGA ATTAGATGCA 1440  
 GGTGTCCGCA ATCATTATA TGAACTGCT GGAGAAAAA TAGTACTTAA AAATGGAGAA 1500  
 5 GGCCATGCAA TGAGTGGTAT TTTAATGAGC AGAACACAGG CTATAATCTT AGCTGAATTA 1560  
 AACAAAGTTA AAGGCTACCA AGACGAAAAT AATAAAGCAT TAAAATCCGT TCGTAAACAA 1620  
 ACGAGGCATA GATTACATAA AGTAGAGACG TTAAGAGCGA ATTGGATTCA AACACGGGT 1680  
 10 GGATCACTCT CTTCTCCCW ACAACAATTA TTAGAAGCTT TAACAGCACT AACCATTGCC 1740  
 GAAGGCTTAA ATCAATTAGT GAATGAAGAA AGCCAACATT TGAAAAAATG TATCACGCGA 1800  
 TGGCACATAA ATTTGGAGAC AACTGGAAAA AAGCGCAAGA AGTTGGAAAT GAAATTGGTG 1860  
 15 AAAAATTAAC CTCTGAAGAG GTTATAGATG TATTAAGAAA AGGTGGCGCG TATGAAAGTa 1920  
 AACTTGAAAC AGATCCCAA AGAAAAATTG ATGATAAGAT AAAGAAATTA AATGATGTTT 1980  
 ATAAAAATTG TAATGGCTAT ATCGCAAAAA TTAAACAGAG TATCGAAGCA ATTGTTTCTA 2040  
 20 ATGACCAAAT GTTAGCGAGC CAGATTGATG GGATGATGTA ATGTTTACTA CGTATAAnAA 2100  
 TATTAATGAA CTTGAAAAATG CCTATGATGA AGAAAGAAAA CAATTGAATG ATGCATTCAA 2160  
 TCAAATTGAT GAATTAAGAC ATCAAACACG CAAGAmATGT GAACAAATGT ATGATCATTT 2220  
 25 CTTATATCTC AACATAAAA TGAATTmym TGAAGACGCT ATGATCAGGA TGACACGTAT 2280  
 TATAGAATCT TTCGATAGAG AAACGAATCA ACGTATCCGA CATCACGAAA TG 2332

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 478:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 865 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 478:

40 TTTACTACCC AGTATCTCTT TTTATAAATT ATATAGCCAC CACATATGGT GGAAAGTCTT 60  
 TTTAATTAGA ATTTTGTTTT TTCAGTTAAG AAAGCTTCTA ACTCTGAGAT TGGCATACGA 120  
 45 ACTTGTTCCA TTGAATCTCT GTCACGTACT GTAACCTGAT TATCTTCTAA TGAATCAAAG 180  
 TCGAATGTtA CACAATAAGG TGTaCCGATT TCATCTTGAC GACGGTATCT TTTACCGATA 240  
 GATtGTGATT CATCGAAATC GATTGAGAAT TTAGAACTTA ATTGCTCAA AATCTTAATC 300  
 50 GtTCGCCAGA TAATTTCTTA CTTAAAGGTA AAATCGCTGC TTTATATGGT GCTAATGCAG 360  
 GATGGAAGTG TAAAACGTGA CGTGCACTT TACTACCTC AACGCCTTCT TCATCATATG 420

55

GAATATATTT TTCGTTTCGTT TCTGGATCAT GGTATCTGAA ATCTTCACCA GAGTGTTCAG 540  
 CATGTTTACG TAAGTCGAAG TCTGTACGAC TTGCGATACC CCATAACTCA CCCCACCAA 600  
 5 ATGGGAATTT ATATTCAATA TCAGTTGTTG CATTTGAGTA ATGAGATAAT TCATCTTCAT 660  
 CATGATCACG TAAACGCATA TTTTCACTGC TCATATTTAA GCTTGTTAAC CAGTCACTTG 720  
 CAAAAGTTTT CCAATAATTT TGCCATTCTGA TTTCTTCTCC AGGTTTACAG AAGAATTCAA 780  
 10 GTTCCATTTG TTCAAATTCT CTGTGTTCTGa AAATGaAGTT ACCTGGAGTG aTTTCaTTAC 840  
 GGaATGaTTT ACCAATTTGG ACCGG 865

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 479:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1444 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 479:

TAATGAGTAA ATAAGTACCA GATAAAATCA TGAATATCAT CCAACATGCG GTTAACTCTA 60  
 CTAAATAATT AATAATAGTA TTTTCAGTAA ACAAAGAACT ATGTATACTT CGCATCACAT 120  
 TAGAATACGT ATGTTTCGCA TTTTGATCTG CAACAAATTG ATTGTTATGA TCTAGAAAGA 180  
 30 CGTAACGTTG ATTTCTCTGCC ATATCACTCA GTGTAATTCG TTTGTTATAT GGTTTCATCAA 240  
 GTATGCTAAC TTTACTTACA AAGAATCCTT CATATTGTTG TTCAACTTGA TGTACTGCAT 300  
 CATTTAATGT TTGATGCGTT TTTACATCAC TGTCACCAA AAACTCATT CTTATAAATAT 360  
 35 TATTTTCAAC TTCTGGAAAG AACAAGTAAC CAATGCCCGA AATGGTTAAA GTGATTAACA 420  
 GTGGAGCAAT AAATATTGCT GCATAGAAAT GTAATCTTTG TAATGGATTA AATGTATTTT 480  
 TCATATTTCC CTCCCAATTG GCTATTATAC GGTGTCAATT CTGTGATGTG TGTGAACAAA 540  
 40 CTGTGACAAT ATTTATTTTC TAGAAAAAAT TAACGATGAT TTGTGATTTT TAGAAAAATG 600  
 AACTTTTAAG TTGGAATGTT TGAAGAAAAT TGATTATTCG TATGTTTTAT CAAGCAGCTA 660  
 TGATAAAATT TAAACATAAT ACAATGCGAG CCATTTAACG ATCTATGTTT AAATGGACAT 720  
 45 CGATATTGTA TGAATTCGTT GTAACAAGCA AGCATTTCCTA TGTGAACGAA CCAAAGGGGA 780  
 AAGTAACATG ATTAATAAAG AACAATTAGA TCTTTTATAT AAATTAAGAA AAGAAGTTGA 840  
 50 AAAGTCGCGA AATGAAGCAC TTTTACATAC AATTAACCAA GTAATTAAGA AAGTATATTT 900  
 GCAGCAATAT ACATGTTTCGT TCGTTGGACA TTTTCTGCA GGTAAATCGA CACTGATAAA 960

## EP 0 786 519 A2

	TATTGTGTCA GTTTCAGACA ATCACGATAT TATTGCTAAT TTGCCGAATC AAACGTATGC	1080
	CAAATTATCT AATTATGATG AAGTAAGGGA AATGAATCGC CAAAATGTCG ACGTTGAATC	1140
5	TGTAGAAATT AATTTTCAAT CAGCTAAATT TGAAAATGGG TTTACGTTGC AAGATACACC	1200
	AGGTGTTGAT TCAAATGTTG CATCACATCA GTCAATAACA GAACAATATA TGTATACAAG	1260
	TAATATGATA TTTTATACGG TTGACTATAA CCACGTTCAA TCTGAACTTA ACTTTAAGTT	1320
10	TATGAAGCAT ATAAATGATG TTGGaATACC TGTTGTGTTT ATCATTAAATC AAATTGACAG	1380
	CATCCAAGAC GATGGAATTG TCATTCTCTA CGTnTTAAAT CTCGAGTTGG AAAAATCAAT	1440
	TGGC	1444

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 480:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6309 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 480:

25	GCAGCAGCTT ATCGTGAGTT ATCATTATTA TTACGTAGAC CTCCAGGTCG TGAACCATAC	60
	CCAGGTGACG TATTCTACTT ACATAGTAGA tTATTAGAAA GAGCAGCAAA ATTAAACGAT	120
30	GACTTAGGTG GCGGTTCAAT TACTGCATTA CCAATTATCG AAACACAAGC TGGTGATATT	180
	TCAGCTTATG TACCAACAAA CGTTATTTCA ATTACAGATG GACAAATCTT CTTACAATCT	240
	GATTTATTCT TCTCAGGTGT AAGACCAGCG ATTAATGCCG GACAATCTGT ATCTCGTGTT	300
35	GGTGATCTG CACAAATTAA AGCAATGAAG AAAGTTGCTG GTACGTTACG TCTTGACTTA	360
	GCGTCATACA GAGAACTTGA ATCATTGCA CAATTCGGTT CAGACCTTGA TGAATTTACT	420
	GCAAGTAAAT TAGAACGTGG TAAACGTACT GTTGAAGTCT TAAAACAAGA TCAAAACAAA	480
40	CCATTACCAG TCGAACACCA AGTGTTGATT ATTTATGCAT TAACAAAAGG ATATTTAGAT	540
	GATATTCCAG TTGTAGATAT CACACGTTTT GAAGACGAGT TAAACCACTG GGCAGAATCA	600
	AATGCTACTG AACTGTTAAA TGAAATCAGA GAACTGGTG GCTTACCAGA TGCTGAGAAG	660
45	TTTGACACAG CAATTAACGA ATTCAAAAAA AGCTTTAGCA AATCTGAATA ATAAACAAGT	720
	TTAGTATAAG GTGGTGAGAT AGTGCTTCT CTTAAAGAAA TAGATACTCG AATAAAATCA	780
50	ACCAAAAAAA TGAAGCAGAT TACGAAAGCG ATGAACATGG TATCAAGTTC AAAACTTCGT	840
	AGAGCTGAAA AAAATACAAA ACAATTCA CAATATATGG ATAAATGCA AGATGCAATT	900



## EP 0 786 519 A2

	ACTAGAAGTG	GATATTTAGT	TATCACGAGT	GATAAAGGTT	TAGCAGGTGC	ATATAGTGCA	1020
	AACGTGCTTA	AAAAATTGAT	TACTGATATT	GAAGCGAAAC	ATCAAGATAG	TAGCGAATAC	1080
5	AGTATTGTAG	TTTTAGGGCA	ACAAGGTGTT	GATTTCTTAA	AAAATAGAGG	TTATGACATT	1140
	GAGTATTCTC	AAGTAGACGT	ACCTGATCAA	CCTTCTTTCA	AATCTGTTCA	AGCACTAGCT	1200
	AACCATGCTA	TAGACTTATA	CAGTGAAGAA	GAAATTGATG	AATTAAATAT	ATACTATAGT	1260
10	CATTATGTCA	GCGTTCTTGA	AAACAAGCCT	ACATCTAGAC	AAGTATTACC	ATTATCTCAA	1320
	GAGGATTCTA	GTAAGGGGCA	TGGTCATTTG	TCTTCTTATG	AATTTGAGCC	AGATAAAGAA	1380
	TCTATCTTAA	GTGTAATCTT	GCCTCAATAT	GTTGAGAGTT	TGATTTACGG	AACAATATTA	1440
15	GACGCAAAAG	CAAGTGAGCA	TGCAACACGT	ATGACTGCGA	TGAAAAATGC	CACTGATAAT	1500
	GCAACTGAAC	TTATTGATGA	CTTATCATT	GAATATAACA	GAGCGAGACA	AGCAGAAATT	1560
20	ACGCAACAAA	TTACTGAAAT	TGTTGGTGGT	TCCGCAGCGC	TTGAATAATA	TTTAAAGGAG	1620
	GAAAAATAGCA	TGGGAATTGG	CCGTGTAACT	CAAGTTATGG	GTCCTGTAAT	TGATGTTCTGA	1680
	TTTGAACATA	ACGAAGTTCC	TAAAATTAAAT	AACGCCTTGG	TTATTGATGT	GCCTAAAGAA	1740
25	GAAGGTACAA	TACAACCTAAC	ATTAGAAGTT	GCGCTGCAAT	TAGGTGACGA	CGTTGTTCTGT	1800
	ACAATTGCGA	TGGATTCAAC	TGATGGTGTC	CAAAGAGGCA	TGGATGTAAA	AGATACAGGC	1860
	AAAGAAATTA	GTGTACCTGT	TGGTGACGAA	ACATTAGGTC	GTGTATTTAA	TGTACTAGGT	1920
30	GAAACAATTG	ACCTTAAAGA	AGAAATTAGT	GATTCTGTTC	GCCGCGATCC	TATCCATCGT	1980
	CAAGCACCAG	CATTGATGA	ACTTTCAACA	GAAGTTCAAA	TTTTAGAAAC	AGGTATTAAA	2040
	GTAGTAGATT	TACTAGCACC	TTATATTAAA	GGTGGTAAAA	TCGGATTGTT	CGGTGGTGCC	2100
35	GGTGTAGGTA	AAACAGTATT	AATCCAAGAA	TTAATTAAACA	ACATCGCTCA	AGAGCACGGT	2160
	GGTATTTCTG	TATTCGCCCG	TGTAGGTGAA	CGTACTCGTG	AAGGTAACGA	TTTATACTTC	2220
	GAAATGAGTG	ACAGTGGTGT	AATTAAGAAA	ACAGCCATGG	TATTCGGGCA	AATGAATGAG	2280
40	CCACCTGGTG	CACGTATGCG	TGTTGCATTA	TCTGGTTTAA	CAATGGCTGA	ATATTTCCGT	2340
	GACGAACAAG	GTCAAGACGT	ATTATTATTC	ATCGATAACA	TTTTCAGATT	TACACAAGCT	2400
45	GGTCTGAGG	TATCTGCATT	ATTAGGTTCGT	ATGCCCTTCTG	CAGTAGGTTA	CCAACCAACA	2460
	CTTGCTACTG	AAATGGGACA	ATTACAAGAA	CGTATTACGT	CTACAACAAA	AGGATCAGTT	2520
	ACTTCTATTC	AAGCGGTATT	CGTACCTGCC	GATGACTATA	CTGACCCAGC	GCCTGCGACA	2580
50	GCGTTTGCCC	ATTTAGATGC	AACTACAAAC	TTAGAACGTA	AATTAAGTGA	AATGGGTATT	2640
	TATCCAGCCG	TGGATCCATT	AGCGTCTACA	TCAAGAGCAT	TGGAACCATC	AATTGTAGGT	2700

55

	CAAGATATCA TTGCTATCTT AGGTATGGAC GAATTATCTG ATGAAGATAA ACAAACAGTT	2820
	GAACGCGCAC GTAGAATTCA ATTCTTCTTA TCTCAAACT TCCACGTAGC GGAACAATTT	2880
5	ACTGGTCÀAA AAGGTTCTTA TGTACCTGTT AAGACAACAG TTGCAAACCTT TAAAGATATC	2940
	TTAGATGGTA AATATGACCA TATTCCAGAA GATGCATTCC GTTTAGTTGG TAGCATGGAT	3000
	GATGTTATTG CAAAAGCTAA AGATATGGGT GTTGAAGTAT AACAAATTAGG AGGAATGGAT	3060
10	AATGAATACA TTAAACCTAG ATATTGTCAC TCCTAATGGT TCTGTTTACA ATCGTGATAA	3120
	TGTTGAACTC GTTGTATGTC AAACAACAGC TGGTGAGATA GGTGTCATGA GTGGACATAT	3180
	TCCAACTGTA GCTGCTTTAA AAACAGGCTT TGTAAGAGTG AAATTTACAG ATGGAACTGA	3240
15	ATATATTGCT GTAAGCGATG GCTTTGTTGA AGTTAGAAAA GATAAAGTTT CAATCATTGT	3300
	TCAGACTGCA GAAACTGCAA GAGAAATTGA TGTTGAAAGA GCTAAATTAG CCAAAGCAAG	3360
20	AGCAGAGTCT CACTTGGAAG ATGATGACGA CAATACTGAT ATTCATAGAG CCGAAAGAGC	3420
	TTTAGAGAGA GCAAATAACC GTTTGCGTGT GGCTGAATTA AAATAGTAAA TAAAGGGTCG	3480
	AAGATGTGAT TTCATATCTT CGACCCTTTT TTGAATTATA TTGATTTAAA GATACAAAAC	3540
25	ATGAGAGGGG GGAAGGAATT GATAAAGAAC CATTAAAGAT TTATGATGTA GTGGTTCTTT	3600
	ATCATTAAAC ACAGCTAATG TGTATTTAAA AATAGGaaya CATgAGTAAA ACTCATGTAT	3660
	AAGAAATACT AATTTCTAAA GAAAAAGTAT TTCTTTATGT TGGGGCCCCG TCAACTACTG	3720
30	CCAAATACAA CACTATAGAG TCTAGACATT GATTTATGTC CGACTCCCAA GAATAGTTTT	3780
	ACTTTTTTAC AATCACTAAT AGATTGCTAA AATCAAAATT TCCTTCACCA CTATCTACAG	3840
	TCGACATTTT ATTTTTTGAA ATTATCTACA TTTTTTCATA CCAAGATATT TTATAGTTAT	3900
35	GATATTTATG TAAAAAGAAT TATATAGTAA GTTAGCTTAA ACTTTACTAA AAACGGGTAT	3960
	TAAACTTTGT ATCATTATTT AAATTTTTCA TGTACAATGT AATACAGTAA TCTTATGAGG	4020
40	TGATAAAATG GATTATATCG GACAATATGC AGTTATCCAT TTAGTGTTAC ATGTTGTATG	4080
	TATTTGTATT GCCTATTGGG CTTTACAATC AATTAGATTA GATCAATTTT TAAAAAAGG	4140
	ATACGCCACT CAATTACAAG TGTGTATGAT ATTTGTTGCT ATTTTATTAG GCACTGCAGT	4200
45	AAGCAATTTT ATTGTAGATT TGTTACAATA CTCGACGCAG GTAAAATATT TAATAAAATA	4260
	AGTCTAACTC TATGATTTGT AATCAAACT AGATATAATT AAATAATGAC TTAATAAAT	4320
	TTTAAATAG GGAAATGTAA AGTAATAGGA GTTCTAAGTG GAGGATTTAC GATGGATAAA	4380
50	ATAGTAATCA AAGGTGGAAA TAAATTAACG GGTGAAGTTA AAGTAGAAGG TGCTAAAAAT	4440
	GCAGTATTAC CAATATTGAC AGCATCTTTA TTAGCTTCTG ATAAACCGAG CAAATTAGTT	4500

55

## EP 0 786 519 A2

GACGTTACAT ACAAAAAGGA CGAAAATGCT GTTGTGCTTG ATGCAACAAA GACTCTAAAT 4620  
 GAAGAGGCAC CATATGAATA TGTTAGTAAA ATGCGTGCAA GTATTTTAGT TATGGGmCCT 4680  
 5 CTTTtagCAA GACTAGGACA TGCTATTGTT GCATTGCCTG GTGGTTGTGC AATTGGAAGT 4740  
 AGACCGATTG AGCAACACAT TAAAGGTTTT GAAGCTTTAG GCGCAGAAAT TCATCTTGAA 4800  
 AATGGTAATA TTTATGCTAA TGCTAAAGAT GGATTAAAAG GTACATCAAT TCATTTAGAT 4860  
 10 TTTCCAAGTG TAGGAGCAAC ACAAATATT ATTATGGCAG CATCATTAGC TAAGGGTAAG 4920  
 ACTTTAATTG AAAATGCAGC TAAAGAACCT GAAATTGTCG ATTTAGCAA CTACATTAAT 4980  
 15 GAAATGGGTG GTAGAATTAC TGGTGCTGGT ACAGACACAA TTACAATCAA TGGTGTAGAA 5040  
 TCATTACATG GTGTAGAACA TGCTATCATT CCAGATAGAA TTGAAGCAGG CACATTACTA 5100  
 ATCGCTGGTG CTATAACGCG TGGTGATATT TTTGTACGTG GTGCAATCAA AGAACATATG 5160  
 20 GCGAGTTTAG TCTATAAACT AGAAGAAATG GCGCTTGAAT TGGACTATCA AGAAGATGGT 5220  
 ATTCGTGTAC GTGCTGAAGG GGAATTACAA CCTGTAGACA TCAAACTCT ACCACATCCT 5280  
 GGATTCCCGA CTGATATGCA ATCACAAATG ATGGCATTGT TATTAACGGC AAATGGTCAT 5340  
 25 AAAGTCGTAA CCGAACTGT TTTTGAAAAC CGTTTTATGC ATGTTGCAGA GTTCAAACGT 5400  
 ATGAATGCTA ATATCAATGT AGAAGGTCGT aGTGCTAAAC TTGAAGGTAA AAGTCAATTG 5460  
 CAAGGTGCAC AAGTTAAAGC GACTGATTTA AGaGCAGCAG CCGCCTTAAT TTTAGCTGGA 5520  
 30 TTAGTTGCTG ATGGTAAnAC AAGCGTTACT GAATTAACGC ACCTAGATAG AGGCTATGTT 5580  
 GACTTACACG GTAAATTGAA GCAATTAGGT GCAGACATTG AACGTATTAA CGATTAATTC 5640  
 AGTAAATTAA TATAATGGAG GATTTCAACC ATGGAAACAA TTTTGTATTA TAACCAAATT 5700  
 35 AAACAAATTA TACCTCACAG ACAGCCATTT TTATTAATTG ATAAAGTAGT TGAATATGAA 5760  
 GAAGGTCAAC GTTGTGTGGC TATTAAACAA GTATCAGGAA ACGAACCAT TTTCAAGGG 5820  
 40 CATTTTCCTG AGTATGcGGT AATGCCAGGC GTATTAATTA CTGAAGCGTT ActCAAACAG 5880  
 GTGCGGTAGC TATTTTAAAT AGTGAAGAAA ATAAAGGTAA AATCGCTTTA TTGCTGGTA 5940  
 TTGATAAATG TCGTTTTAAA CGTCAAGTAG TACCTGGTGA TACTTTAACG TTGGAAGTAG 6000  
 45 AAATCACTAA AATTAAAGGA CCAATAGGTA AAGGTAATGC TAAAGCTACT GTCGATGGTC 6060  
 AACTTGCTTG TAGTTGTGAA CTTACATTTG CAATTCAAGA TGTAATAATA AACAAAAAA 6120  
 ACATTCAAAG ATTTAATGTG TTGGCATAAT CTTTGAATGT TTTTATTTT ACTCTTCTAA 6180  
 50 TTTTTCATCC TTTAACTTTG GTTTAGACTG CaTCATTCGA TTAAATGATT TTTTAATTC 6240  
 TTCACCAGAT AATCCATCAT CAATAAGTTG GTTCTAATAA ACTTTCAGCA TACTGTTGGA 6300

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 481:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 481:

	AGTTGCTACA CCAGACATGA TGGGTGAAGT TGGTAAATTA GGTCGTGTAT TAGGACCAAA	60
5	AGGTTTAAATG CCAAACCTTA AAAGCTGGAAC TGTAACAATG GATGTTAAAA AAGCTGTTGA	120
10	AGAAATCAAA GCTGGTAAAG TAGAATATCG TGCTGAAAAA GCTGGTATCG TACATGCATC	180
15	AATTGGTAAA GTTTCATTTA CTGATGAACA ATTAATtGAA AACyTCaATA CyTTACAAGA	240
20	TGTATTAGCT AAAGCTAAAC CATCATCTGC TAAAGGTACA TACTTCAAAT CTGTTGCTGT	300
25	AACTACAACA ATGGGTCCTG GAGTTAAAAT TGATACTGCA AGTTTCAAAT AATAAATGAT	360
30	ATAACAATT ACAGGCTGAA AGAAATATCT TTCAGTCTGT AAAAATATAT TGACAATAAG	420
35	TAATTTCCAA GTTATATTAC TTATTGTGAT TATTTTACCT AAGACAGTAG GAGTTATTTA	480
40	TAACTTAAAA TTTATCCTGC CGAGGCTAAA ATTGACTTGA ACGTGATGAT CTATGATCTT	540
45	TCAAGCACTT TTTGCCGTGG GTAGAAAGTG CTTTTTTTAT TAATTTTAAA AAAAGCACCA	600
50	AAAATTTAAA TGGAGGTGTC TGAATGTCTG CTATCATTGA AGCTAAAAAA CAACTAGTTG	660
55	ATGAAATTGC TGAGGTACTA TCAAATTCAG TTTCAACAGT AATCGTTGAC TACCGTGGAT	720
60	TAACAGTAGC TGAAGTTACT GACTTACGTT CACAATTACG TGAAGCTGGT GTTGAGTATA	780
65	AAGTATACAA AAACACTATG GTACGTCGTG CAGCTGAAAA AGCTGGTATC GAAGGCTTAG	840
70	ATGAATTCTT AACAGGTCCT ACTGCTATTG CAACTTCAAG TGAAGATGCT GTAGCTGCAG	900
75	CGAAAGTAAT TTCTGGATTG GCTAAAGATC ATGAAGCATT AGAAATTAAA TCAGGCGTTA	960
80	TGGAAGGCAA TGTTATTACA GCAGAAGAAG TTAAAACTGT TGGTTCATTA CCTTCACACG	1020
85	ATGGTCTTGT ATCTATGCTT TTATCAGTAT TACAAGCTCC TGTACGCAAC TTCGCTTATG	1080
90	CGGTTAAAGC TATTGGAGAA CAAAAAGAAG AAAACGCTGA ATAATTTTAA GCGTAAAAAA	1140
95	ATTAAAAATA ATGGAGGAAT TATAAAATGG CTAATCATGA ACAAATCATT GAAGCGATTA	1200
100	AAGAAATGTC AGTATTAGAA TTAAACGACT TAGTAAAAGC AATTGAAGAA GAATTTGGTG	1260
105	TAcTgcAGCT GCTCCAGTAG CAGTAGCAGG TGCAGCTGGT GGCGCTGACG CTGCAGCAGA	1320
110	AAAAACTGAA TTTGACGTTG AGTTAACTTC AGCTGGTTCA TCTAAAATCA AAGTTGTTAA	1380

EP 0 786 519 A2

	TCCTAAAGTA ATCAAAGAAG CTTTACCTAA AGAAGAAGCT GAAAAACTTA AAGAACAATT	1500
	AGAAGAAGTT GGAGCTACTG TAGAATTAAA ATAATTCAAG TATCTTAAAC TTAATAATCA	1560
5	AAGTTTTATA GCAAGTATTG CTATAATATA ATGATTCTTT GAGAAGTTAA AACCCCGTTA	1620
	TTTTGATAAC GGGgTtTTAT TCaTTTAAAG ACTGAGTGAA ATGTTATAAT TATAATGACG	1680
	AGTTACAAAG TGAAGATGAG GTGGGAATAA TGAGTCA	1717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 482:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1279 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 482:

	GTAAATCTGT TACTCGAAAT GTAACGATTA AAGAAAAGGG CTCATCTCAA ACATATATTT	60
	TGTTAGGCTA TCCAACAAAA GCACAGAAGA ATAGTCATAG CAAATATAGT GGAGTCTTTA	120
25	TATATAAAGA CTTGAAATCA ATCGAAGATA CAAATAATGC TATTACGATT ATCACCATAA	180
	TTACGGCTGT TATTTTCTTA ACAATTACAA CAGTCTTTGC GTTTTCTTA TCGTCAAGAA	240
	TTACAAAACC TTTAAGACGT TTAAGAGACC AAGCTACACG TGTATCTGAA GGGGATTACT	300
30	CTTATAAACC TTCTGTCACA ACGAAAGATG AAATTGGTCA ATTATCGCAG GCATTTAATC	360
	AGATGAGTAC AGAAATCGAA GAGCATGTCG ACGCATTATC CACATCTAAA AATATTAGAG	420
	ACAGCTTAAT TAACTCTATG GTAGAAGGTG TCCTAGGTAT TAATGAGAGT CGACaAATTA	480
35	TCTTATCTAA TAAGATGGCG AATGATATTA TGGACAATAT TGATGAAGAT GCTAAAGCTT	540
	TCTTATTAAG ACAAATAGAA GATACTTTTA AATCAAAACA AACTGAAATG CGCGATTTAG	600
	AAaTGAATGC ACGATTCTTT GTTGTGACCA CAAGCTATAT CGACAAGATT GAACAGGGAG	660
40	GTAAaAGTGG TGTTGTTGTG ACAGTTCGTG ATATGACTAA TGAGCACAAT CTAGATCAAA	720
	TGAAGAAAGA TTTcATTGCT AATGTATCAC ATGAATTACG TACACCGATA TCATTACTTC	780
45	AAGGTTATAC TGAATCAATT GTAGATGGTA TTGTTACAGA ACCGGATGAA ATAAAAGAAT	840
	CGCTTGCCAT TGTCCTTGAT GAATCGAAAC GTTTAAATCG TTAGTAAAT GAATTGTTAA	900
	AIGTCGCACG CATGGATGCT GAAGGGTTAT CCGTAAATAA AGAAGTTCAG CCTATTGCAG	960
50	CGTTACTAGA TAAGATGAAA ATTAAGTATC GCCAACAAGC TGATGATTTA GGTCTAAATA	1020
	TGACTTTTAA TTayTGTAAG AAGCGTGTtT GGAGTTATGA TAwGGATCGC ATGGACCAAG	1080

TTACTTGTGA TGAAAATGAA AGCGAAGATA TTTTATACAT TAAAGATACA GGTACAGGCA 1200  
 TTGCACCAGA ACATTTACma CAAGTATTTg ATCGTTTTTA TAAAGTTGAT GCAGCGnAna 1260  
 5 ACCCCGnGGT AACCAngTA 1279

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 483:

## (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1144 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 483:

GAGCTGTTGT TACTTTGATG CCTGCAGCTT TATTACGGCT GACTTGGTAA TGATAAGTTT 60  
 20 CAGCATATTG CTCAATATAT GCTATATCAT ATTGAATGGT ACGAGGTGAT ACACCAAGTT 120  
 GATTAGCAAT GGTATTGATT GGAATAAACG TTTGCTCATG AATTAAAAGA TACAAAATTT 180  
 CGATTTGTCT ATAACCTTAAC AACGTAATAT CCTCCTATTT GTAATTGTAA GCGATTTCCT 240  
 25 AAAACGTAAG ATATGCAATC TCTTTCATAT TTTAATCCGA AAAATTGCAT ATCAAAATGT 300  
 TTATGGCGCA AGATTTTATA GGAACCTTTTA AAATAAATTA TATATTCATG TTGACAATTT 360  
 AAAATGTCTG CAGTATATTT AGTTAGACAT CTAACGAAAT GGTGGTGCAA TAAATGGAAT 420  
 30 TCACTTATTC GTATTTATTT AGAATGATTA GTCATGAGAT GAAACAAAAG GCTGATCAAA 480  
 AGTTAGAGCA ATTTGATATT ACAAAATGAGC AAGGTCATAC GTTAGGTTAT CTTTATGCAC 540  
 ATCAACAAGA TGGACTGACA CAAAATGATa TTGcTAAAGC ATTACAACGA ACAGGTCCAA 600  
 35 CTGTCAGTAA TTTATTAAGG AACCTTGAAC GTAAAAAGCT GATCTATCGC TATGTGCGATG 660  
 CACAAGATAC GAGAAGAAAG AATATAGGGC TGACTACCTC TGGGATTAAA CTCGTAGAAG 720  
 40 CATTCACTTC GATATTTGAT GAAATGGAAC AAACACTCGT ATCGCAGTTA TCTGAAGAAG 780  
 AAAATGAACA AATGAAAGCA AACTTAACTA AAATGTTATC TAGTTTACAA TAAATGATAA 840  
 GTGTGACTGG TAGAAATCAG TCACTTTGTC TTTAATATTA TAGTTAGATA TCTAATTGTT 900  
 45 AGTAAGCTAA TTATTGGAAA AGACAAGGAG TATTGAACAA TGAAAGACGA ACAATTATAT 960  
 TATTTTGAGA AATCGCCAGT ATTTAAAGCG ATGATGCATT TCTCATTGCC AATGATGATA 1020  
 GGGACTTTAT TAAGCGTTAT TTATGGCATA TTAAATATTT ACTTTATAGG ATTtTyAGAm 1080  
 50 GAYAGCCACA TGATTTCTGC tAatCTCTCT AACACTGCCA GTATTTGCTA TCTTAATGGG 1140  
 GTTA 1144

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 484:

10	ACAACCAATT TTAATAAACA TGGTrTCAT gCATTTTCAA TATTTAGATG TCGACCGCAT	60
	AATCGAAGAA TCGCCGACAA TAGTACTTAT CGATGAGTTA GCACATACGA ATATTTCTAG	120
15	AGATCGTCAT GAGAAACGAT ATATGGATAT TGAAGAAATT TTAAATCATG GTATCGATGT	180
	TCATACCACT TTGaACATTC aaCATATTGA AAGTTTAAGT AGTCAAATTG AACTGATGAC	240
	CGGTGTACAT GTTAAAGAAC GTGTACCCGA CTATTTTATA ATGAGCGCCG ATGTATTAGA	300
20	AGTCGTAGAT ATCTCACCTG AACAATTAAT TAAACGCTTA AAAGCTGGCA AGGTATATaA	360
	AAAGGATAGG CTAGATGTAG CATTAGTAA TTTCTTTACG TATGCCCACC TAAGCGAaTG	420
	CGTACATTGA CGTTAAGAAC AGTTGCCGAC TTGATGAGTG ATAAAGAAAA AGTCCGACAC	480
25	AACCATAAAA CGTCACTCAA ACCTCATATT GCTGTGGCAA TTAGTGGGAG CATTTATAAT	540
	GAAGCAGTAA TTAAAGAGGC ATTCCATATT GCTCAAAAAG AACATGCGAa GTTCACTGCT	600
	ATTATATAG ATGTATTCTGA AAAAAACAGG CAATATAAAG ATAGTCAAAA GCAAGTGCAT	660
30	CAACATCTCA TGCTTGCAAA ATCATTAGGA GCAAAAGTAA AAGTAGTTTA TAGCCAAACC	720
	GTTGCATTAG GATTAGACGA ATGGTGTAAG AATCAAGATG TAACCAAATT AATTATCGGA	780
	CAACATATTA GAAATAAGTG GCGAGACTTT TTCAATACAC CTTTAATTGA CCATTTAATG	840
35	TCCTTTGAAC ATAGCTATAA AATCGAAATC GTTCCAATCA AACAAATACC TGTGGAATTG	900
	AAAATGAACA AATCACCTTA TCGTCCTAAA GGCAAACGTT TCGCCATAGA TATGTTAAAA	960
40	ATGATTTTGA TTCAAATAAT TTGTGTAATG ATGGGACTGT GGATTTATCA ACTTGATAAG	1020
	CATGAGTCTA GTACGATTAT TTTAATGATT TTTCTCATCG GCATCATTTT ATTATCCATT	1080
	TGGACGCGGT CCTTCATCAT TGGCTTTTAg CAGCAATTAt TAACGTATTT GTgTkTAATT	1140
45	ATkTTTTtAC GGAACCTA	1158

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 485:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2224 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 485:

	ATCATATGGT CGATTTAACA GATCCAACGT ACTGCTAAAT AATTACATGA CGTTTAAACA	60
5	TAGCATTGAT TATAACTATT TCTAAGTCTT CGCATTATTT GCGATGATGT GGAATAGTT	120
	ATTTTTATTT AAAAATATAA AAAAATAGAT GCAGCAAAAT TTAAAGCAT TTTATTTGA	180
	ACATATTAAA AGGGAGCGTA TCATAATGGA ATGTAATGTT TATATCGTAT GCATTACGGA	240
10	TAAATAATAT ATAAATCATT CTTGAGGAGT GAAAGAATAA TGAGAGACTA CACAAAGCAA	300
	TACATTAATG GCGAATGGGT AGAAAGTAAT AGTAATGAAA CGATAGAAGT TATAAATCCA	360
	GCAACCGAAG AAGTAATCGG GAAAGTTGCT AAAGGTAATA AAGCTGATGT TGATAAAGCC	420
15	GTCGAGGCGG CAGACGATGT TTATTTAGAG TTCCGTCATA CATCTGTGAA AGAAAGACAA	480
	GCGTTATTAG ATAAAATTGT AAAAGAmTAT GAAAACAGAA AAGACGATAT TGTACAAGCT	540
20	ATTACGGATG AATTAGGTGC TCCTTTATCA TTATCTGAGC GTGTCCATTA TCAAATGGGA	600
	CTAAACCATT TTGTTGCAGC GAGAGACGCA TTAGATAACT ACGAATTGTA AGAACGCCGC	660
	GGAGATGATT TAGTTGTAA AGAAGCAATC GGTGTATCTG GATTAATTAC ACGTGGAAC	720
25	TTCCCTACAA ACCAAACATC ATTAAAATTA GCAGCAGCAT TTGCGGCTGG TAGTCCAGTT	780
	GTACTIONAAC CATCTGAAGA AACACCATTT GCAGCTGTTA TTTTAGCTGA GATTTTGTAT	840
	AAAGTCGGTG TTCCTAAAGG TGTATTTAAC CTTGTAAATG GTGATGGTGC TGGTGTGGG	900
30	AATCCTTTAT CTGAACATCC TAAAGTACGC ATGATGTCAT TTACAGGATC AGGCCCTACT	960
	GGTTCTAAAA TTATGGAAAA AGCCGCTAAA GATTTTAAAA AGGTATCATT AGAGCTTGGT	1020
	GGCAAATCAC CATATATCGT CCTAGATGAC GTAGATATTA AAGAAGCGGc TAAAGCAACa	1080
35	aCAGGCAAAG TTGTTAATAA TACTGGTCAA GTATGTACAG CTGGTACACG TGTTTTAGTG	1140
	CCTAACAAAA TTAAAGATGC ATTCTTAGCT GAATTAAAAG AACAAATTTAG CCAAGTGCCT	1200
	GTCGGTAATC CAAGAGAAGA TGGTACACAA GTAGGCCCTA TCATTAGTAA AAAACAATTT	1260
40	GATCAAGTAC AAAATTATAT TAATAAAGGT ATTGAAGAAG GTGCTGAATT ATTTTATGGT	1320
	GGTCCTGGTA AACCAGAAGG ACTTGAAAAA GGATACTTTG CACGTCCGAC AATTTTTATT	1380
45	AATGTAGATA ATCAAATGAC GATAGCACAA GAAGAAATTT TTGGGCCAGT AATGTCAGTT	1440
	ATCACTTATA ACGATTTAGA TGAAGCGATT CAAATTGCAA ATGATACAAA ATATGGTTTG	1500
	GCAGGATATG TTATTGGTAA GGACAAAGAA ACATTGCATA AAGTAGCTCG TTCTATTGAA	1560
50	GCAGGTACAG TAGAAATAAA CGAAGCAGGT AGAAAGCCAG ATTTACCATT TGGTGGCTAT	1620
	AAACAATCTG GTTTAGGTCG TGAATGGGGC GATTATGGTA TTGAAGAGTT CTTAGAAGTG	1680

55



EP 0 786 519 A2

AGTGCACATG ACTAATTAAG TTTTGTGTAC TGTTTTAATT TTGCAATTTT TATAAATAGA 1800  
 TTTTGTAAAT AAAATAAAAA TTGCTATAG TTATTCATGT ATTTAAAAGG TTGGGGATTA 1860  
 5 GCATAATGGG ATTGTGCTAG CACAGTTATT TATGCATTGT CATGCCTATC TATTACTTAC 1920  
 TAACTAAAAA ATAATGAAAT GGGTGTA AAC TATATGCCTG AAAGAGAACG TACATCTCCT 1980  
 CAGTATGAAT CATTCCACGA ATTGTACAAG AACTATACTA CCAAGGAACT CACTCAAAAA 2040  
 10 GCTAAACTC TTAAGTTGAC GAACTATAGT AAATTAAATh AAAAAGAAGT TGTTCCTAGCT 2100  
 ATTATGGAAG CACAAATGGA nAAAGATGGT AACTATTATA TGAAGGTAT CTTAGATGAT 2160  
 ATACAACCAG ATGGTTATGG TTTTTTAAGA ACAGTGAAGT ATTCTAAAGG GGAAAAAGAT 2220  
 15 ATTT 2224

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 486:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 20 (A) LENGTH: 1690 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 486:

ACATTACnTT GAATCGAAAG TTTCATAAAC GACTTGAATG CCAGTTTCTT TTTCAAATTT 60  
 30 CTTAATTAAC TCTGGATCAA TATATTCGCC CCAATTGTAT ACGTAAATTT TTTGATTTGT 120  
 ATGCACTTGT TCTTTAGATT TAAACCAATG ACTTAAAGTA AGACAAAGCA TACCCACAAC 180  
 TAATGCACCT ATAATGAGTT GTAAAAATCG TTTTCATTATT TTACACCTCG CTTGATTAGT 240  
 35 TTTTCTTAT TTATCACGTA TTGAATCAAA TAATATCCTA GTATTCCTAA TACAATAACA 300  
 GCAAACAATA ATGTTGAAAT CGCATTAAAT TCCATACTAA TTCCTTTTCT CGCCATAGCA 360  
 TAAACTTCAA CTGATAACAC ACTAAAGCCA TTACCAGTAA CGAAGAACT TACTGTGAAA 420  
 40 TCGTCTAGTG AATAAGTTAA AGCCATAAAG AATCCTCCTA TAATAGAAGG TAAAATATTA 480  
 GGAATAATAA TGTGCTTAA TAATTGTGGT TCAGTCGCTC CTAAATCTCT TGCAGCATTT 540  
 AACATATTAT TATTCATyTC ATACAGTTGT GGTAAGACGA TAATCACAAC TATAGGTATG 600  
 45 CAAAATGCAA TATGAGATAT TAGAACTGTC CaAAakCCTA AACCAAGACC AGTAAAATGG 660  
 CCAATCGTTG TAAACATAAT TAAGAATGAT GCACCTATGA CAACGTCGGA TGATACCATC 720  
 AAGACATTAT TCAATGTTAG TAAAGTTACT TTAACTTTT TATTTCTTAA ATAATAAATA 780  
 50 GCAATGGCAC CAAATGTACC AATAACTGTA GAAATTGAGG CTGCTAAAAG TGCTACAGCT 840

55

AATGTAAAAT GTTCAAAGTG AATCATATTA CCAGCCGAAT TGAATGAATA GAACATTAAA 960  
 AAGAATATTG GGATGTATAA AATCGCTAAA AGTATCCCGA TATACAGCTT TCCATACCAT 1020  
 5 TTCATATGAT TCACCCCTCTC CCATTAGATG ATTTTGTAAAT GATTAAAATG AATGCCATAA 1080  
 ATACAATTAA GAATATAGCT ATAGTTGATC CCATACCATA ATTTTGAATT GTTAAAAATT 1140  
 GTTCCTCTAT TGCCGTACCT ATATTATGA CTTTATTACC TGCAATTAAT CTTGTAATCA 1200  
 10 TAAATAATGA AAGTGATGGA ATAAAGGTTA CTTGAATCCC AGTCATAACA CCTTCTTTTG 1260  
 TTAACGGCAT GATTACTTTT CTAAAAGTAT AGAAAGGACT GGCACCTAAA TCACTTGAGG 1320  
 CCTGCAATAA ATTATTAGGA ATTGCTTTCA TGCTATTAAA TATAGGTAAA ATCATAAATG 1380  
 15 GTATATAAAT GTAACCTGCC ACTACTAAAA ACGCACCAGT TGTAATAAAC AAATTGAATG 1440  
 ATGGTAAATT AAATAAGTGG AAAATTGATT AATCACGCCA TCATGACTTA ATAAACCTAT 1500  
 20 AAAAGCATAT GTCTTTAACA ATAAATTTAT CCATGTTGGA ATAATCATT TCATTAATAA 1560  
 GATATTTTGA AATTTCGAAC GAGTAATATA ATAGGCAGnT GGATAACTGA TAGTCAAGGT 1620  
 AATAATTGTT ATTGAAGCGG CATATAAAAT TGAATATGCA AACATTTTCA AATATTTTGT 1680  
 25 AGTAAAAATT 1690

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 487:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2112 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 487:

ACGAAAAGAA ATATTATGAT GAACAAAAG AAAGAATAAC GATTTATATG AAGTACAATG 60  
 TGAAAGGTTA TAAAAATATA AGCTTCGCTA ATTTTAAAGA AAACCCAATG GATGGTTATT 120  
 40 CTATTAGTGG TTATATAAAT AAtGaTAAAA AGTTATCATT TACAGCTGGT ATAAGATCTG 180  
 TTGATGATTT TCAATTTGAT ACCGATATTT CTTATACAGA TGAATTGGGT AGAAAATTTA 240  
 ATAAAAATCC TAAGTCAGTT TCTGAAATAA AAAAAGAGCA AAATACGTCC AATAAATAAT 300  
 45 TGTTCATATT GTGATGAAAC AAAAATATAA GTCATTAGAT GAGTTTAACT ATGTTATAAA 360  
 TATTTGTAGT ATCTATAAAA ATCTCGACAC TATTAAAATG ATAAAGTGCC GAGGTTTTCT 420  
 50 TACTTATTTA GTTAATTCAA AGTTTATGCC AGATTCATAA GAATTTGTGA CACTTTTAAT 480  
 AGTGTAcCAT TGATTATTAC AATTTATCAA ATGGTCCTTT AGAAGGTATA AATAACAAAA 540

	TATTATTATG TTCAAAACTT TACGCTCCAA AAAGTAAAAA GGAAGTTAAG CAATGTTTAG	660
	TTGCTTAaCT TCGGaTATTG AACGCATCAG TCCAATTTGA CATAGAGCCT TTTTITAGTTC	720
5	TTGATGTTTC TCTTTAAAAC CTTGCATATT TTACAAAAAG AAAAATTAGC AGTATAATTA	780
	AGACAACGAA AATAAGTATT TACTTATACA CCAATCCCCT CACTATTTGC GGTAGTGAGG	840
	GGATTTTTAT TGGTGC GGCT ATATGTCACC TATTTTGTAT TCGTCTACT TAGCCAATAA	900
10	GAAAAAACG CAATGGCACA GCCACTGATG ACTGGTGCTA TGATGTGAAC GaAAATAAGC	960
	ATCACCTTAT ACACCTCCTC TCTGCGTCTA AATTGACGSc TGAGaGrTAG GcGACTCTAC	1020
	TATTATATCA TCGGCAAATA TACAAGCACA GTCACCTTGCT TCTGATAAGT TATATGATTG	1080
15	TAGCTGATAG ATTGAATCGT CTACACTTAA TTGGACAAAT TCTATGAGAA TAGATATTGT	1140
	TAATTTAAGA AAGTAGGCGA TTTTATTATG ACAAGAGAAA GAAGATCATT TAGTTCAGAG	1200
	TTTAAGTTAC AAATGGTTAG ATTATATAAA AATGGTAAGC CTAGGAATGA AATTATACGC	1260
20	GAGTATGATT TCACACCTTC GACGTTTGTA AATGGCGGTT ATAAAATGTA GGAAAATGGA	1320
	TAAAGCAACA TCAAAACACG GGTACATTCA ATCACCAAGA TAACTTATCG GATGAAGAAA	1380
25	AAGAGCTGAT TAAATTACGC AAAGAAGTTC AACATTTAAA AATGGAGAAC GATATTTTAA	1440
	AGCAAGTAGC GCTGATTATG GGGCAAAAAT AGAAGTCATT CAAAAGAATG CACATCAATA	1500
	TTCAGTATCA GCAATGTGTA AAGTCCTGAT AATACTAAGA AGTACCTATT ATGATTCTAT	1560
30	AAAAAGAAAA GATAATAAAA TCACTAAAGA TGATTCAAAC ATAGAACATG CCGTCATAAA	1620
	TATTTTTAAT TCTAATAGAA AAGTCTTTGG TACAAGACGA ATTAAAAATC ATTTAAATGA	1680
	CAAGGGTCTC ACTGTATCTG GACAAAAGAT AGGTCGATCA TGAAAAAATC TAGTTTCTGT	1740
35	TTATACGAAA TCTAAATACA AAAATCATCT AAAAGAACT AATGAAAAAC GAATTAAAAA	1800
	TCTTTATTAT TAGCTGCTGG TGTATTATTT GTTAGTCCAA TTTCATTATC TTATAATTCA	1860
	GATGTAGCTC ATGCTGAAGA TAAGTTAGAC CATTCTCAAG CAAAGGTAAT ATATTTGAGT	1920
40	AACCAAAATT TATTTGATGA ACTTGAGAAA AAAGGTTATA AACTGGAAGA TATATTTACA	1980
	AAAGAAGAAA TAAAAAATA TAAAGCTGAA GACCAATTGA GAGCGGGTAA AACTCAATAT	2040
	GTAGAAACAG GTAAAGATAC TGCAACATTA TATCTTTCTT CTGCATATAC AAAACAATA	2100
45	GCTGCTTTAG GT	2112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 488:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 488:

5 GTAGGCACAC ATCTGCCATA TAAACATTCT TTTATACTAG TGTTCTCATA TAGTGTAGAG 60  
 TTATAGTCTC CTTCTTGAAT CTCGAATAAT TCAATCAACC TATCAACCTT AGTCTCTTCC 120  
 GTTACTTCTT TTTCAATATC AACTATGAAG GGGATATCAA TTGGAATAAA ACTTGACGTC 180  
 10 GAACACTTAT TTGTATTGG ATGAAAACGA ACGAATCCAT CACTAAATCC TGTTGAAAAA 240  
 AATATTTTTC CTTGTGATAG ATCCGGATT TCTCGCGCCC ATTTAATTAA TTCATCTAAT 300  
 CTCATTCTT TTTTAACTTT GATTTTCATT GTTATATCTC CTCTTGAACA GTAAATTTAT 360  
 15 CGTTAAcTGA TACGTATCCA GTCACATTAC ATAAGATGCT ATCAACATCA AAAGTCACAC 420  
 AACAGTTGCG TTCAACATCA TTTGAATAGA ATCT 454

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 489:

- 20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1372 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 489:

30 TTGTCAGAAT TAGAATGCTT TTGAGTTACT TCATAATACT CATCAGTTTT TTGTGTATCC 60  
 TTTTGACTTT TATTTATTTT TTTCCACTTA CCAGTATGAC TTTCTTTTTT TACAGTTATT 120  
 TTCGGTTTGT TTAAAAATG ATAACCGATG TTCTTTTTGG TATCTGTGGA CTCTAAAAAG 180  
 35 ACTGAATTGT TTTCTGATT ATCAGAATTG GTTGTTTGTT TATCGTCTGT ATATAACGTA 240  
 TACCCATTCTG CTTTGCGATT TTCAATCGTT GTAACGGAT TCTTTGATGA ATCAGTACTT 300  
 TTAATGCCAG TTCCTAAGAA GACAATTTTA TCGTTTAATA TGAAATATGA TTTTTTGGCA 360  
 40 GTTAAAGTTT TGTCTGATT TTCAAATCC ATTCGATAC TAGCATGTTG GTCATCAACT 420  
 TTTGTTCCGC CAACAAAAGT TTTACTCGAC TTTTATCAT CCGTATCTTT TAATATTTCA 480  
 TTGTCTAAAG TTGTTGTACC TGATAAACGT TTCATATCGG CTGTCACCCA GAAGTTATCA 540  
 45 TGATAGTGTT TGACATCGCT GTTATATAAA TAAGACATTC CAGCACCAGT GTGCCAACCT 600  
 TTAAATTTCT CTCCGTTGAT ACTTTCATAG CGTGCTACGT TTTTCGACGT CATACTTAAA 660  
 CCAAATGCAA AGTCTAAGTC TTTGTTATGA TAGGTGACAC GATCCATGTC ATTATATATT 720  
 50 TTAAGTTGTT GTGTTAATCC GTTTTATAGAA ATACTGTTAT CTGTCATTAA AGACTTCATT 780

ACTGAAGATT TGACAATCTT TTTATACTTA GCTTTTGTG AATCATCCAT GGCATCACTT 900  
 AATCTCAACA ATGATTTTCAT TACTGTTGCA GATGCTGAGT GACTGGTTTC ATTTTCACGA 960  
 5 CTGATAGCTC TACCTCGTGA TAAATCCATC ATTTACCTT TATAAATGAG TGGCATAAAT 1020  
 COGTCGTCAA TCCATGACTT TAAGGTTGTA TCATTTGGG TTTTATCATT AAAAGGTGTT 1080  
 TCTTTTATCA TCGGCATCAT TTGAGAAATC CCCTCTAAGA GTACAACGCC ATAAGCACCA 1140  
 10 GTGTATGGAA CGTCTTGATG ATCAATGTAA GAGCCATCTT TATAAATCC ATTACGTTCT 1200  
 TTACCACTGG CAGAATCTTG AACGTAAGTG AAGACTTTAT TAAATGAATC TATAGACTTT 1260  
 TTCATCATAT CTTTATCTTC TTCGATAATA CATTCTAAAA GTTTCACCTT AGAAATGTCT 1320  
 15 ACTAnATTTT CGCCTTTAGC AAGTTCAGnT TTTCTACAC AAGATAATAT TT 1372

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 490:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 564 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 490:

ACAACAATAT AGTAAAGCGT CGTTAATTAA ACAATGGGAC CAATTGTTC GTCTTATATA 60  
 30 AATGTACTTT aCCTTTATTT TTACAAAAAT AGCATTTTCC TATGTCATTT AACTAAACAT 120  
 GTAAGTTCGT ATGAACGAGG TTTGTTAAAT AGATGATTCT AGGAAAATGC TTTTTCCTTT 180  
 TGACTTAGTT TAAATATTT TGCCACTTTG TACTGATAGT AGTTGCATTG TACTGTTGTG 240  
 35 CAGATTCTAT GCTATTAATT GAAACTGTT GCAATTTTGG AGTATTATTT AGTAATTGGT 300  
 CGACCTTTTC AACCATTTGA TTGATGTCAC CTTGAGGTAC TAAATAGCCA TTAAATCCAT 360  
 CTTGaATCAG TTCTGaTGGa CCATAATCTA CATCATAACT GATCACTGGT GTACCTACTG 420  
 40 AAAGCGACTC TAAAAATGCT AAGCCAAAAC CTTCCATTTT ACTTGTCGAT AACATCAGTT 480  
 CTGCTTTAGC AATCTCTTCA TTAATATGCG TCTTAAAACC ATGAAATTTA ACATGTTCCA 540  
 GATATnATGA TAATCTTCTA CAAG 564

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 491:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 491:

	TATCCACCCC	ACGaaAGCCC	CGGAAACTTA	TTGTGTTACA	AGATATATAA	GCAGAAACGA	60
5	ACAACAGTTA	ACAAAATAAA	TGAAATTAAA	CGTTTTAAAA	ATGAAACAAA	TGAAATCATC	120
	TATTAGGTTA	TGAAACTGTT	TATAGCTTGA	ATAGAAGCAT	TTATTTTTTA	GGAGGACAAT	180
	TATTATGCGT	CAACATTTA	TGGCAAATGA	ATCAAAACATT	GAGCGCAAAT	GGTATGTTAT	240
10	CGATGCTGAA	GGCCAAACAT	TAGGTCGTTT	ATCATCAGAA	GTAGCATCTA	TCTTACGCGG	300
	TAAAAATAAA	GTAACCTTACA	CACCACACGT	TGATACTGGT	GATTATGTAA	TCGTTATTAA	360
	TGCATCAAAA	ATCGAATTTA	CTGGTAACAA	AGAAACTGAC	AAAGTTTACT	ACCGTCACTC	420
15	AAATCACCCA	GGTGGTATCA	AATCAATCAC	TGCTGGTGAA	TTAAGAAGAA	CTAACCCAGA	480
	ACGTTTAATT	GAAAACCTAA	TTAAAGGTAT	GTTACCAAGC	ACTCGTTTAG	GCGAAAAACA	540
	AGGTAAAAAA	TTATTTGTAT	ATGGTGGCGC	TGAACATCCA	CACGCTGCAC	AACAACCAGA	600
20	AAACTACGAA	TTACGTGGTT	AATTAGAAGG	AGGAAATGAC	TTTGGCACAA	GTTGAATATA	660
	GAGGCACAGG	CCGTCGTAAA	AACTCwGtAG	CACGTGTACG	TTTaGTACCa	GGTGAAGGTA	720
	ACATCACAGT	TAATAACCGT	GACGTACGCG	AATACTTACC	ATTGGAATCA	TTAATTTTAG	780
25	ACTTAAACCA	ACCATTTGAT	GTAACCTGAAa	CTAAAGGTaa	CTATGATGTT	TTAGTTAACG	840
	TTTATGGTGG	TGnTTCACCTG	GACAAGCTCA	AGCTATCCGT	CACGGAATCG	CTCGTGCATT	900
30	ATTAGAAGCA	GATCCTGAAT	ACAGAGGTTT	TTTAAAACGC	GCTGGATTAC	TTACTCGTGA	960
	CCCACGTATG	AAAGAACATA	AAAAACCAGG	TCTTAAAGCA	GCTCGTCGTT	CACCTCAATT	1020
	CTCAAAACGT	TAATTGTCGG	ACGATATATA	CAAAACACCT	CGATATTATG	TCGAGGTGTT	1080
35	TTTTTGGCGT	TTTTGCGGCG	AATATGGAAT	GTGTAGAATA	TAAATGAATT	TTTACCTTCC	1140
	CACCATAAAA	GATGAAGAAC	CATGAATGTG	GAGAACAATA	AATAGTTGGA	TATTCTGTTA	1200
	TTTTTTTGGGA	AGTGAAGTG	GATTGGAAT	ACTTTACTCh	AAACGATTAA	AAGGTTTAAA	1260
40	AAAACAACAA	AnAGAAA					1277

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 492:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 673 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 492:

TTATTGACAT TGTTTTTATC CAAAATTCAT TGTTAAGACA TTTTCTTTAT GAAATAATAA 120  
 TnATATTGAA GTATATTTTT ATTATTATTA AAAATAAATA AGGGGATACT TATGAGCACA 180  
 5 AATCAAACAT TTTTAATATT TGTATAGCA ATTATTCTAC TTACATCTGT AATAGGAATT 240  
 GTTGGACGAT ACATGAGTCG TCAACGTCTA TTAATCTA TGGAAACATT ATGGCAAACG 300  
 ATTTCTCCAT TAGAAGCTTT TATCAGACCG AACTCACATT TCGACTATGA GTATAAGCTC 360  
 10 TACAAGGAAA AATTTGAATC ACATTCATTA GTTGATGATA AACTTGGTC CGACTTAAAT 420  
 ATGAATGCAA TCTTTCATAA GATGAATTAT AATTTAACAG CTATTGGTGA AATGAAGCTA 480  
 TATGCCTGTT TACGTGGAAT GCTTTCATT ACGAACAAAT CATTACTTAG TTTATTTAAT 540  
 15 GATAATGCTG AATTTAGAAA AAACGTAACA TATCATTTAG CTTTGATTGG tAAACTGTT 600  
 aTCCAACATT TCCAGACCAA ATCACACCGG kAAACGTCCA AATATATTGn TCTATGCCCG 660  
 GTTTACCACT ATC 673  
 20

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 493:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1240 base pairs  
 25 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 493:

AAAAAAGTT AATGCTGACG GTGTATTAAC TTTTGATATT CTAGAAAATA AATATACTTA 60  
 TGAAGTTATT AACGCTATAG GGAAAAGATG GATTGTTAGT CATGTCGAAG GTGAAAACGA 120  
 35 CAAGAAAGAA TATGTAATAA CTGTCATTGA TAGGAAATCA GAAGGCGACA GACAACTGGT 180  
 TGAATGTACT GCTAGAGAGA TTCCCATAGA CAAGTTAATG ATTGATAGAA TTTATGTTAA 240  
 TGTAACAGGA TCTTTTACAG TAGAAAGATA TTTTAACATT GTGTTTCAAG GTACTGGAAT 300  
 40 GCTTTTGGAA GTCGAGGGCA AAGTTAAATC TTCAAAGTTT GAAAATGGTG GTGAAGGCGA 360  
 TACAAGGTTA GAAATGTTTA AAAAGGGATT AGAACATTTT GGTTTAGAAT ATAAAATAAC 420  
 GTATGACAAA AAGAAAGACA GATATAAGTT TGTATTGACG CCTTTTGCAA ATCAAAAAGC 480  
 45 GTCTTATTTT ATTTCTGACG AAtCAACGCC AACGCTATAA AACTCGAGGA AGATGCAAGT 540  
 GATTTCGCCA CCTTCATTAG AGGATATGGT AATTATTCAG GAGAAaGAAAC ATTCTGAACAC 600  
 50 GCTGGGCTCG TAATGGAAGC TAGAAGTGCA TTAGCTGAAA TATACGGCGA CATCCACGCA 660  
 GAACCATTTA AAGATGGTAA AGTGACTGAC CAAGAACTA TGGATAAAGA ATTACAATCG 720

55

TATCCAGAAG CAGACCCACA ACCCGGAGAC ATAGTACAAA TAAAATCTAC CAAACTAGGT 840  
 TTGAATGATT TAGTCCGTAT AGTACAAGTT AAAACGATTA GGGGTATAAA CAATGTAATT 900  
 5 GTTAAGCAAG ATGTAACGCT TGGTGAGTTT AATCGAGAAC AACGATATAT GAAAAAAGTT 960  
 AATACTGCAG CTAACATATGT TTCTGGATTA AATGATGTTA ACCTTTCTAA TCCTAGTAAA 1020  
 GCGGCAGAAA ACTTGAAGTC TAAAGTAGCG TCAATAGCTA AATCAACACT CGATTTGATG 1080  
 10 AGTAGAACTG ATTTGATTGA AGATAAACAA CAGAAGGTAA GCTCTAAAAC TGTGACTACA 1140  
 TCTGACGGCA CTATCGTTCA TGATTTTATa GATaAATCma ACATTAAaGA TGTAAAAmCG 1200  
 aTTGGAACGa TTGGCGATtC TGTAGCTAGA GGATCACATG 1240  
 15

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 494:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1311 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 494:

ACGGTGGATT TAGCCTAGAA GATTTAACGC ATCAAGGTAA ATTaTCAGCA TTTAGCTTTA 60  
 ATGATCAAaC AGGTCAAGCA ACATTGATTA CTAATGAAGA TGAAAACCTC GTAAAAGATG 120  
 30 AGCAACGTGC TGGCGTAGAT GCAAATTATT ACGCTAAACA AACATATGAT TATTACAAAG 180  
 ACACATTTGG TCGTGAATCA TATGaCAACC AAGGTAGTCC AATTGTTTCA TTAACGCATG 240  
 TTAATAACTA CGGTGGTCAA GATAACAGAA ATAATGCCGC ATGGATCGGT GACAAAATGA 300  
 35 TCTATGGTGA TGGTGATGGT CGCACATTCA CAAGTTTATC GGGTGCAAAT GACGTAGTAG 360  
 CACACGAATT aACACACGGT GTGACACAAG AGACAGCGAA CTTAGAATAT AAGGACCAGT 420  
 CAGGCGCTCT AAATGAAAGC TTTTCAGATG TTTTGGATA CTTTGTAGAT GACGAGGATT 480  
 40 TCTTAATGGG TGAAGATGTC TACACACCTG GAAAAGAGGG AGACGCTTTA CGCAGCATGT 540  
 CAAACCCAGA ACAATTTGGT CAACGAGCTC ATATGAAAGA CTATGTATTG ACTGAAAAAG 600  
 ATAATGGTGG CGTACATACG AATTCTGGAA TTCCAAATAA AGCAGCTTAT AACGTGATTG 660  
 45 AAGCAATAGG GAAATCTAAA TCAGAACAAA TTTACTACCG AGCATTACG GAATACTTAA 720  
 CAAGTAATTC AAACCTCAAA GATTGTAAAG ATGCATTATA CCAAGCGGCT AAAGATTTAT 780  
 ATGACgAGCA AACAGCTGAA CAGGTGTATG AAGCATGGAA TGAAGTAGGC GTGGAGTAAA 840  
 50 AATATATAAA CaAGAAGAAG TAATGTTAAA CACTTATAAA TAATTAAATT TTAAATACAG 900



EP 0 786 519 A2

ATTAGATGAG AGGAGTGTGA GGGTTGTCTG CCGAAAGACT ACTCGGCAGT CTAAAATCAT 1020  
TACAAGTAGT AGATATGTGA TAATTAAATG CTGACTTAGA ATACAAAATT CATTTTAAAA 1080  
5 GTTGTACAA AAAATTTACA TGTATTTTTA TTATCTTTTG CAAAACAAAG TGTAAATTA 1140  
TAAATGAAC ATGCATGAAT TTATTTTSTA ATACAAGAAA CGTAACTACC AAAGGAGTTT 1200  
ACAATATGAA GAAAAGTAAA CGATTAGAAA TTGTTTCTAC AATAGTTAAA AAGCATAAGA 1260  
10 TTTATAAAAA AGAACAAATc ATTTTCATATA TTGAAGAATA TTTTGGTGTA A 1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 495:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1761 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 495:

TGCACTTTCT AAAAATACTT GCTTTACTTG TTCCAATTCC TTGTCAGACA TTGATTCGGC 60  
25 TAATTTATTC ATTATTGCCT CAAATACGTT AATTATGTCA TCCATTTCAG TACTATAAAA 120  
ATCAAACCAT TTTGCCGTAT CTTTTCTCT ATTAAGCTTA TGATCACTTT GAGAGCGCTT 180  
AGCTAATTCT GCATAAATAT ATGGACAAGG TGCCATTGCA GCAATTGTAT AAATAGCATT 240  
30 TTCACGACTA TGCGCTTGGA AATACATATG TTTTATGTAA TGGTCGCCAC TTGGAGGCCA 300  
AACTTTTGTT TTAATGATTT CTTCGTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG 360  
CGCAAGTACT TCACCTTCAA CCATAAATTC TATTTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT 420  
35 CATGCTATTC ATTTTGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCTT TTAAATACGC 480  
AGCATCAGCT TTAAAGTAAT GCGTAATGC GTCAGcTCCT ATATCTCCGG ATAACATCTT 540  
CTGAATAAAG TCATCCTCAT AAATATCATT AATGATTGGC TTTGCAGCTT GGTACAATTT 600  
40 TTGTGAAAAT TCCATTGTAA AAAATCCTCC CTAAATAAAA AAATACTTC CAACATGAAA 660  
GTAGTTTGAT GGCAATGTTG CTATACTAGC CCCATCACTT CAATAACTAC TTTCTACGT 720  
TGGTACTAAC CAAATCAGGT CATAAGGGTC TGAACAATTC ATCTCAGCCA TATCATTAGG 780  
45 CTCCCCTAGT AGTTCCTTAG TATTCAATTG CAAATTAATC TTAGCAAACG GTTCAACAT 840  
TTTCAATTAT TGTTGCTCAG TTGTATTATT ATCTTTAAAT AATAATTCTA TAATGACATA 900  
TATTTGCGAA ATAAAAAAC CGGAACATAT CGAGAATTCC CCGATATATT CCAATCTAAA 960  
50 AGTTACTTAT ATAACATTA ATTAGCTATG CATAAATGGC TTATGCAGTA ACCCAATGTC 1020

TTGCTGGTGA TACACCTTTA TATTTAGCAG GTGCTACTGA ATCCCAAGTT GATTGTAAGA 1140  
 ATTGATACTT ACCAGCTGCA CCTGgATGTT GGtTTTACAG CATGAATATT GCCACCTGaT 1200  
 5 TCACGTTGrG CAATTTGTTT TAGATGAGCa TTCACATTIA CTGATGAACC TTCTGATGAT 1260  
 TTTGATyCAG TTGGTGTTCG AGTAACCTGT GAATTGTTTG ATGTTGATGC TTGTGGTTGT 1320  
 TGAGTTTGAG CATTTTGTGG TGCTTCAACT TCTTGTGATT GTACTTGATT AGCTTGAACA 1380  
 10 GCTGATGGTG CAACATTATT AGTTGCAGGT GCTTGTGCAC TCATGTCTGC TCCATTAGTA 1440  
 CCTGTTCAT GGTAATTCCA AGCAAAGTGT GTACCATCTG ATTCAAAGTG ATAAGTAAAC 1500  
 CCTTCATAGT CAAATGTATA ATTATAAGCC CCAGCTTCAA TTGGTTTTTG ATTTAATGTT 1560  
 15 TGATCATTTG ATTGCGCCAT TTGCCTGAAA GATGCTTTAT TTAAGTCCGC TTCACnTGCA 1620  
 TGGGCTTCGT GGACCTGCAT TTCCTGGCTA CGATTCTTAA ACCTACTGGC nAAnGATGAT 1680  
 20 GCGAGTAATG TTTTCTTCAT AATCTTAAAA TCCTCCTACA AGTGAATTTG TGTCTCTAAA 1740  
 AGTTTTACAG TGGACGACTG T 1761

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 496:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 794 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 496:

TCATTTATGA AAAATGTGG AnAGAnCCaa GaAAmaCAAT TGagCGTGAA GAAAAAGCAA 60  
 35 GACTTAAAGA AGAACAAAAG GCACGTCAAA ATGAACAGCC ACAAATAAAA GATGTGAGTG 120  
 ATTTIACGGA AGTGCCTCAA GAAAGAGATA TTCCAATTTA TGGGCATACT GAAAATGAAA 180  
 GTAAAAGCCA GAGTCAACCA AGTCGAAAAA AACGAGTGTT TGATGCAGAG AATAGTTCGA 240  
 40 ATAACATCGT AAATCATCAT CAAGCAGATC AGCAAGAACA ATTAACAGAA CAAACTCATA 300  
 ACAGTGTGTA AAGTGAAAAC ACTATTGAAG AAGCTGGTGA AGTTACGAAT GTATCGTATG 360  
 TTGTTCCACC GTTAACTTTA CTTAATCAAC CTGCAAAACA AAAAGCAACA TCTAAAGCTG 420  
 45 AAGTGCAACG TAAAGGACAA GTACTAGAGA ATACATTAAA AGATTTTGGG GTAAATGCAA 480  
 AAGTGACACA AATTAAAAATT GGTCTGCAG TAACTCAATA TGAAATTCAA CCAGCTCAAG 540  
 50 GGGTTAAAGT GAGTAAAAATT GTAAACTTGC ATAATGATAT TGCATTAGCT TTAGCAGCAA 600  
 AAGATGTTAG AATCGAAGCG CCAATACCTG GTCGTTCTGC AGTAGGTATT GAAGTGCCAA 660

ATAAACTAGA AGTTGGATTA GGaAGAGATA TATCAGGTGA TCCAATTACT GTTCCACTAA 780  
 ATGAAATGCC ACAC 794

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 497:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1161 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 497:

AGCCAGTTTT GcATTTCGTC AAATCGCAAT GAATATATTG ATTGCTTGTC AAAATTTGGA 60  
 AGAAATTTAT TCTTCTTTTT CTTTTCAGCA GTTATCATT CTAATTGTCC TTTCTTTTTA 120  
 TCTTAGTGAT AAAGAATCCA TCTGAATTAA AGTCTTGCGG CATGATTTGT AACGTTTTGA 180  
 CCAACTCTCC AGTTATCGGA TGTGAAACG GTTCAAATTC GAAGTTTTTA TTATTTTTCA 240  
 AAAACGTATA AATCACGTTT TCATTTTCTA GTTGCTCAAT TGTACATGTT GAATAGATGA 300  
 TTTCTCCACC TATTTTTACA TTGTTTTTTA CATTTTCCAA TATTTCAAGC TGTAAATCAA 360  
 CTAGTGA CTC AATATGTTGT TTGCTTTGAG TATACTTAAT CTCCGGCTTA TGTCTCATT 420  
 CACCTAATCC GCTACATGGT GCATCAACAA GTATCTTATC GTATGTTTTA TCATAAGGTT 480  
 TTGTCGCATC ATGTTGAAAA GCTTTAATAT TTGTTAATCG TAATTnTTTT ATATTAAAAAT 540  
 TAATTAAGTC TATTTTGTGA TCATGTATAT CTGAAGCGTC AACTTGCCCT TCTGGCATT 600  
 AAAC TTCAGC AATGTGACAA GCTTTACCGC CAGGTGCACT ACATGCATCT AATACGTGAT 660  
 CATGTCGGTC TACATTCATA ATGTGTGCAa CAAACATTGA GCTTTTATCT TGAATTGAAA 720  
 CGAATCCATC TTTAAATGAA CGAGAATGAA TAATTGGTTG TCCTCCTATA TGGAGACAAT 780  
 AAGGTAAGTC ATGATCTTTT TCAACGTCAT AACCTTCGTC TTGCAACTTT TCAATAATAT 840  
 CATCTAATGA TGCTCGCGTC AGGTTGGCAC GCACAGTTGT TGATGTCGTT TCTAAAAATG 900  
 ACTGTAAAAT TTTTTCAGTT TCTTCGAGAC CATAATGTGT TGCCCAATGA TCTATAATCC 960  
 ACTTCGGCAT ACTATACTCG ATTGCCATT CTTTTTTAGG ATCTGCAATT TCATTAAAAAT 1020  
 CAGGTAAGTC ACTACGCATC ATTGTACGTA AAATACCATT TACGACATTA CCATTATGAT 1080  
 AGCCACCGCG TTCTTTTGCT ATTTCAACTG CTTCAATTAAT AATGGCATGA TTTGGAACCTT 1140  
 TATCTAnATA nACATATTGA T 1161

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 498:

## EP 0 786 519 A2

(A) LENGTH: 1504 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 498:

10	AGCTCACGTC ATCTTCGGCG GCGCTAAATT AAAATAATCA ATTTCTGAGT TAAACTTTTA	60
	TTTACAACAT ACTATTACTA TACATTACAA ATTTTTAAAA TATACATTAC ACTCATTACT	120
	CAATGGmAG CGTATGATTT CmCAGCCCCC CTAGCTTGTA GAAATCATAC TTTCCTTTTT	180
15	TCAATATATA TACAACATTT AAATCCCATA AGATTGCAGA GCACATAAGT AAATTTTTTTT	240
	AGAGCTTGAG GTTTGTTTAG CTTAAGCAAC CCATGAGCTC AAACACTTCC TGTTACATA	300
	ACACTACAAA TCGCATTATG TTGCTTAATC TTATGTTTAT ATAAATTACA CACAATAAAT	360
20	AGAAAGAATG TGAACATCAT GAATAAATTA TTGCTACTCG TTACATTTAT CATTCGTGTG	420
	GGTTCAGGTA TTGTTATGTT AATGCAAGGC TACGAAAAAT TAACGGGCGG ATTTACGCTG	480
	AAAGGTTTAG TACCAGTCAT CGCTAACAAT ACTGATTCAC CAGAGTGGTA TAAGTGGTTT	540
25	TTCGCAAATA TAGTTGCACA TACGACGTCA TTATTTGATA TTGTTGTCCC ACTCGGAGAG	600
	ATTGCAATTG GATTAGGTTT AATTTTGGGA GTTTTTCAT ATGCTGCTAG TTTCTTTGGA	660
30	GCCTTTGTTA TGATAAATTA TATCTTAGCA GATATGATAT TTACGTATCC TCTTCAATTA	720
	ACTTTCTTTA TCCTTTTACT AATGAGTCAC TCATTGTTAA AACAGATTTC ACTTAAAGAA	780
	ATCATTAAAT ACTTTAGAGG TCGTAAGAAC AGAGGTGAAA AAATAGATGA CCCACTTACT	840
35	GATCGTGGAT GATGAACAAG ACATTGTAGA CATTTGTCAA ACCTATTTTG AATATGAAGG	900
	TTACAAAGTA ACAACGACAA CTAGCGGTAA AGAAGCAATT TCTTTACTAT CAAATGATAT	960
	TGATATCATG GTACTTGATA TCATGATGCC AGAAGTTAAT GGTTACGACA TTGTCAAAGA	1020
40	AATGAAAAGG CAAAAATTAG ATATCCCCTT TATCTATTTA ACTGCCAAAA CACAAGAACA	1080
	TGATACCATT TACGCCTTAA CTTTAGGTGC AGATGACTAT GTCAAAAAAC CATTTAGTCC	1140
45	AAGGGAACTC GTTTTACGTA TTAATAATTT ACTTACAAGA ATGAAGAAAT ACCATCATCA	1200
	ACCAGTTGAA CAACTGTCGT TTGATGAATT AACACTTATT AACTTAAGTA AAGTtGTGac	1260
	tGTAAaTGGT CACGAaGTCC CTATGCGTAT TAAGGAATTT GAGTTATTGT GGTATTTAGC	1320
50	TTCTAGAGAA AATGAAGTTA TTtCTAAATC AGAATTACTT GAAAAAGTTT GGGGATATGA	1380
	CTATTACGAA GATGCTAATA CCGTGAATGT CCATATACAC CGTATTAGAG AnAAATTAGA	1440
	AAAAGAGAGC TTTACAACAT ATACCATCAC AACTGTATGG GGATTAGGAT ATAAATnTGA	1500

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 499:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1623 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 499:

ATTGAAAGCG ATAATTCGTA nTAATTGAGT TTGTTGAAAA ATTTAGGGTA ATGTAAAGAT	60
ATAAAAGATA CATAGAyTGG AGAGATATAA AGATGTTGAA TGAGATACAA ATATTAAaATA	120
aTGGATACCC GATGCCTTCA GTTGGGTTAG GTGTTTATAA AATCTCTGAC GAAGATATGA	180
CTAAAGTTGT AAATGCTGCA ATTGACGCAG GCTATAGAGC GTTTGATACA GCATACTTTT	240
ATGATAATGA GGCTTCACTA GGACGAGCAT TAAAGGATAA TGGCGTCGAT AGAGAAGATT	300
TGTTTATAAC AACGAAGTTA TGGAATGACT ATCAAGGTTA TGAGAAAACA TTCGAATATT	360
TCAACAAATC GATTGAAAAT TTACAACTG ATTATCTTGA TTTATTTCTA ATACATTGGC	420
CTTGTGAAGC AGATGGTCTA TTTTtagAAA CATATAAGC TATGGAAGAA CTTTACGAGC	480
AAGGTAAGGT AAAAGCAATA GGTGTATGTA ATTTTAATGT TCATCATCTA GAAAAATTAA	540
TGGCTCAATC AAGTATCAAA CCAATGGTGA ATCAAATTGA GGTACATCCA TATTTTAACC	600
AACAAGAATT ACAAGAATTT TGTGATCGTC ACGATATTAA AGTGACTGCA TGGATGCCTT	660
TGATGAGAAA TAGAGGACTA CTAGACGACC CTGTCATTGT TAAAATTGCT GAAAAATATC	720
ATAAACACC AGCACAAGTT GTATTACGTT GGCATTTAGC ACACAATAGA ATTATTATTC	780
CAAAATCTCA GACACCTAAA CGCATTCAAG AAAATATAGA TATTTTAGAT TTTAATTTAG	840
AATTAACAGA AGTAGCTGAA ATTGATGCTT TAAATAGAAA TGCAAGACAA GGTAAAAATC	900
CAGATGATGT GAAAATTGGG GATTTAAAAT AACTGGATGT TAAATTTTAC GTTTATGAAT	960
GCCTTTTAAAT GTGTACATTA AAATAAATGA GTTGGTTTTT ACTATTTGAT AAAACAATAC	1020
TCAGGTACAT TCAAAATCTT TTAATAAAAA AGGATGGACA TAGATGAAAA TTAGAGTCGT	1080
CATTCCTTGT TTTAATGAAG GGAAGTCAT TACACAAACA CATCAACAAT TAACTGAAAT	1140
ACTTTCACAA GATAGTAGTG TGAAAGGCTA TGATTATAAT ATGCTTTTCA TAGATGATGG	1200
TAGTACGGAT ACCACTATAG ATGAAATGCA ACATCTTGCC ACAATAGATA GGCATGTCAG	1260
CTTTATTTCT TTTAGTAGAA ATTTTGAAAA AGAAGCAGCT ATGATTGCAG GTTACCAGCA	1320
TAGTACTGAA TTTGATGCAG TCATCATGAT AGATTGTGAT TTGCAACATC CACCTGAATA	1380

TAGAAGTGGT GAAAATTTTA GTCGAAAAC ATTAAGCCAT TTGTATTATA AGTTAGTTAA 1500  
 TTGCTTTGTA GAAGAAGTAC AATTGATGA TGGTGTGGT GATTTTAGAC TTTTAAGCCA 1560  
 5 AAGAGCTGTT AAATCCATTG CATCACTTGA AGAATATAAT CGnTTTTCAA AAnGGnTATT 1620  
 TGA 1623

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 500:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 605 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 500:

20 AAAGTnGGTG AAnCTATATA CTTAATCTAT ATTTATATAT TAACCATTAG GGTTAAAAAT 60  
 TACTCTAGCA TTTATGAATA GATGGGAGTT TATTTTATTA TTATATAGGA GAGATGTTGA 120  
 ATGACACATC GCGCACTATT AGTTGTTGAC TATTCATATG ACTTTATCGC AGACGACGGC 180  
 25 TTACTAACAT GCGGTAAACC TGGACAAAT ATTGAAGATT TTATTGTTTC TCGTATCAAT 240  
 GACTTTAATT ATTATCAAGA CCATATATTC TTTTTrTGG ATTTACATTA TTTACATGAC 300  
 ATTCATCATC CTGAAAGTAA ATTATTCCCA CCACACAATA TCGTAGATAC AAGTGGTAGA 360  
 30 GAATTATACG GTAAAGTAGG TAAATTATAC GAAACAATTA AAGCGCAACC TAATGTACAT 420  
 TTCATTGATA AAACGCGCTA TGATTCGTTT TTTGGTACCC CGCTTGATAG TTTATTGAGa 480  
 35 GAAAGAAGTA TTAATCAAGT CGAAATCGTT GGTGTATGTA CCGATATTG CGTGTTACAT 540  
 ACAGCAATTT CTGCATACAA CTTAGGtTAT AAAATTTGAG TACCTGCTGA GGGAGTGGCT 600  
 CATTT 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 501:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1739 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 45 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 501:

50 TAGGTTnAAA GCATAGnTTT nTCAAAAAGA CAAATCATTC ATATATTGGA GGATATTTTG 60  
 GTGTAAGATA TAGTGCAACC ACAATTGCTA AAGACTTGAA GGAACATAAT ATATATCGTG 120

EP 0 786 519 A2

	TGAGAGAAAA GTTTAGACAC TATTGTGAAC ATGAAGTTCT AAGTTCAATC ATCAATGGTT	240
	CATACATTAT CGTCAAAACC TCACCTGGTT TCGCCCAAGG CATAAACTAT TTTATCGATC	300
5	AGCTAAATAT AGAAGAGATA TTAGGTACGG TGAGTGGAAG TGACACTACA TTAATCTTAA	360
	CTGCCTCAAA TGATATGGCA GAATACGTAT ATGCAAAATT ATTTAAATAG ACATGTATCA	420
	AATGAATAAT AAAAATTTGT TTCGTATCAC GTGTACTCAA GTTAGTTACC AAATATTAAC	480
10	TTGTGTACGC GTTTTTTTAT GGAAAGAAAG AATTCATAGT CATTCAATTG ACTGTATAAA	540
	AAACTTTATA CAACATGTTT TTATGGGTAT TTTTGAATAA AAAATGTATA TTTTGACCCA	600
	AAATACCTTT ATTTATGTAT AAAAATCCAT TATTATGTAT TGTATAACAA AAAGATATGA	660
15	AATTTTCGAC TTTCTTTATG TGAATATAAT CACATGTAAG CGTTTGAAGA TTGTCTATAC	720
	TCTAAATGAA TTCAAAGATA AAAGGAGGAA ATAGACATGA CAGATGGTCC AATTAAAGTA	780
20	AATAGCGAAA TTGGAGCTTT AAAAATCTGT TTAATTAAGC GTCCTGGAAA AGAATTAGAA	840
	AATTTAGTAC CTGATTATTT AGATGGATTA CTATTTGATG ATATTCCATA TTTAGAAGTA	900
	GCTCAAAAAG AGCATGACCA TTTTGCGCAG GTGCTAAGAG AAGAGGGTGT TGAAGTACTT	960
25	TACCTTGAGA AGTTAGCAGC TGAAAGTATT GAAATCCTC AAGTAAGAAG TGAATTTATT	1020
	GATGATGTAT TAGCAGAGTC TAAAAAACA ATATTAGGTC ATGAAGAAGA AATTAAGGCA	1080
	TTATTTGCGA CACTTTCTAA TCAAGAACTT GTAGATAAAA TAATGTCAGG GGTACGTAAG	1140
30	GAAGAAATTA ATCCGAAATG TACACATCTA GTAGAGTATA TGGATGATAA GTATCCATTC	1200
	TATTTAGATC CAATGCCAAA CCTTTATTTT ACTAGAGATC CACAAGCCTC AATAGGACAC	1260
	GGTATAACAA TCAATCGGAT GTTCTGGAGA GCACGACGAC GAGAATCAAT ATTTATTCAA	1320
35	TATATTGTAA AGCATCATCC TAGATTTAAA GATGCGAATA TTCCAATCTG GTTAGATCGA	1380
	GATTGCCCAT TCAATATTGA AGGCGGCGAT GAACTTGTTT TATCTAAAGA TGTCTTGGCT	1440
40	ATAGGCGTTT CAGAACGTAC ATCTGCACAA GCTATTGAAA AGTTAGCGCG ACGTATTTTTT	1500
	GAAAATCCGC AGGCGACGTT TAAAAAAGTA GTAGCAATTG AAATTCACAC TAGTCGAACT	1560
	TTTATGCACT TAGATACAGT ATTTACAATG ATAGATTATG ACAAATTTAC AATGCATTCA	1620
45	GCCATTTTAA AGGCAGAAGG CaATATGAAT ATATTTATTA TTGAATATGA TGACGTAAAT	1680
	AAAGATATTG CCATCAAACA ATCTAGTCnT TAAAAAGATA CTTTAGAAGA CGTACTAGG	1739

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 502:

- 50 (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1745 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
- 55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 502:

5	CTGTACATAC AGCAATATCG TTAACAAATG AAAACAGTAT TTTAGGATTG TAAACCATGA	60
	TAAACCTAAA ATACTGTTAT TTTTATTACT TAAATTTCTT CTTCAATGCC TTTTCAACAT	120
	AAGGTGGAAC GAATTCAGAA ATATCTGCTC GATAAGCTGC AACTTCTTTA ACAATACTTG	180
10	AACTTATAAA TGAATAATTA GTACTAGACA TCATATATAA CGTTTCAATT TCATTGTTCA	240
	ACTTTTTATT CATTGAAGTT AAGCGTAATT CATATTCAAA ATCACTGACT GCTCTTAAAC	300
	CACGTATGAT TGTTTTAGCT CCTACTTGTT CACAATAATC GACTAGTAAA CCACTAAATT	360
15	GATGAACCTT GACATTAGGT AAATGTTTAA CAGATTGTTT AATTAAATCC ATACGCTCTT	420
	CTAAACTAAA CGTACCTTCT TTTTACTAT TTTAAGAAC ACAGACATGA ATTTTCATCA	480
20	ATCTATCTGT ACTTCTCTCA ATAATGTCTA AATGACCATA AGTAATGGGG TCAAACTAC	540
	CCGGAATGAC CGCTATTGTA TGTTCCATGC TATTCTCCCT TTTCTAATAA CAATGTGTCT	600
	GTCAACCCAT AATGGTAACG TTTAATCATA TTAAACGGTT GATAATCTAT TTCTTCATGA	660
25	TTGCTAAATT CACAAACGAT GATACCATT TCTTTCAATA AATTAAACTC TGAAATTAGT	720
	TTTAAAGCTT TATCAATGAG ACCTTTATTA TAAGGTGGAT CTAaGAAAAT GACATCAAAT	780
	TGAATATCAC GTTTTGACAA TGCTTTTAAA GCTCTATCTG CATTATTTTT ATAACTTCA	840
30	GATTGTGCCT CTAAATCCAA ATTGCAAGA TTTGaTTTAA TAACTTTTAC AGCTTTAAAA	900
	TTTTGaTCAA CAAAGATTAC CTTATCCATA CCTCGAGAGA GTGcTTCTAT TCCAAGCGCC	960
	CCGCTTCCTG CAAATAAATC TAAACCTATA CCTGACACAT CATATAAACT ATTAAAGATA	1020
35	CCTTCTTTAA CTTTATCCAT AGTTGGTCTC GTATTACGGC CTTCCATACT TTCTAAAGCT	1080
	TTACTTTTAT GTTTACCTGC AATGACGCGC ATGTTGTTCA CACTTCCAAT TCATTTAGTT	1140
40	ATTTAATATA ATTTATTGAG AAAAAGGAGA ATGATAAACC AATGAAACAA ACATTTATTA	1200
	CACTTGGTGA AGGTCTAACA GATTGTTCG AATTCATGAC GATGATTGAA TATAACCATC	1260
	AACGTATTGA TAAAATTATC TATTTTCATT CACCACAAGC TGAAAATAAA AAGTCATCTG	1320
45	TAGCAATCAT TATGAACCCT ACAACTGGCA ATCATTTCCA AGCATTTTAT ATCATGATAA	1380
	ACGCTATTAA ATATCCATAT CCAGATTCAA ATAAAAAGTT TCAAATGATA AATGATTGTG	1440
	CTGAAAAATT CGACATACCA ATTTTAGGTA TCGATGTACA GCCCCCTCAA GCATTTTCATG	1500
50	ATTTATCGTT ATATTATAAT TATTTAATTA GTGTGTTAAG GCTCCAAAAA TGGATACCAG	1560
	aACTTCAATA ATATTAATTA TATATTCGT GTTTCTCTT TTCGTAAGTT TTCTTTAAGT	1620

55



TTTGATCAAC ATCTTGCTCA TTCACATACA TAATTACAAA TTTACGATCT CTATTTGAAT 1740  
GAACG 1745

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 503:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1035 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 503:

TCGTCTTTAA TCTTGCTGAC TTTAGAAGGC TTACGAGTGC GGTTACCATT TTTTGCATCT 60  
TTAACTGATT GAACTAAAGC TtGACGTGTA GATTTATCAG CTAAACTAAT TGCACCACCA 120  
ATTACGGCAC CAATTAAAT ACCAGGAACA AATTTATTTT CCATAAAAAA CTACCCCTCT 180  
TTCAAATTG CATCTTTTAC GATGTAGTCT ATTAAATTAT CACAAGATGA TAATACCATG 240  
TCGTATACAC CTTCAAAATT ATTCGTGTAG TATGGATCTG GTACATCACT CTCTTCCATA 300  
TTACTAAATT CTAACAGTTT GAACAATTGT CCCTTAAGAT TAGGATTGAT AGATTTAATA 360  
TTATCAACGT TACTTTGATC CATAGCCACA ATGTAATCAA AATCATCTGT CGCTTCGAAT 420  
AATTCATAA TCATGCCATC AAATGGAATA TTGTGTTTGT TGAGAATTTT TTGTGTACCT 480  
TCATGAGGTG GCTCTCCTAA ATTCCAGCTA CCAGTACCTC TTGAATGTAC TTTAATATCA 540  
TGAATATTTT TGTCTTTAAG TCTTTGTGCG ATGATTGCTT CTGCCATTGG AGAACGACAT 600  
ATATTGCCAA GACAGACAAA TGCTACATCT ACCATTTTGA TTCCTCCAAA CTATGTAGTT 660  
ATATCCCCAT TTTATAGCGA CTTTAAACAA TAAGAAAGCA GATTATATAA AATTCTATTA 720  
AAGTTTATTA AATTGTGATA CTTTGATAAC ATAACIATTA TTAGAGGTGA ACATTGTGGC 780  
TATGACAAAT GAAGAGAAAG TnTTAGCTAT TAGAGAGAAG TTAAATATtG TTAATCAAGG 840  
ATTATTAGAT CCTGAAAAAT ATAAAAATGC AAATGaAGAA GAATTAACAG ATATATATGA 900  
TTTTGkTCaA yCAAGAGaAA GATTGTGCGC AAGTGaAGTG mCAGCTATTG CTGaCGCTTT 960  
AGGACAATTG CGACACGAAT AGGAGTGGGA ATTTGACTA ATTACAAAGA AAAGTTACAA 1020  
CAATACGCTG AACTA 1035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 504:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 504:

5	AnCCTGACAA GATTCTTATA TTCATAGATA TGAGAGCTAA AAATGAAATC AACAAACAnA	60
	CAATAAAGTA AACGATAATA GCCCATATAC CATTTTGTA CCATATTACA AATTGTGTTG	120
	TATTATAGCC ATTTCCAGCT AATAATTGCT GGATAAATGC ATTATTGTTT AATGTATTTT	180
10	CAAGATTAGC AAtCGATGTG TTATTACTGA ATGAAACAAG TGCTATAAAC ATCGTAATGA	240
	CAGTAAGCAC TAATAACATC ACCCAACATA ACCCACTAG AACTTTTCA GTTAATCTAC	300
15	TTACTGGACG TTTAATTTGA GTAAATTGTT CTCCAGTCAT TCGTTACAAC TCCTTATAGT	360
	ACTTATCCCG TTATTATAAC TAAATATACA GTAAATAACT ACTATTATG ATTTTATTTT	420
	AATGACATTT TGAAATTCAA AAAGTTTTCA TTGTATTAC TTAACCTTC AGGTCCTAAA	480
20	TCITTATAAA CTTCAAGGCG TTCTTGCTCT TTCTTAGTCG GATAAAAACG ATGGTCGTCT	540
	TTAATCTCTT TAGGCAACAA TTGTCGAGCA GCCTTGTTTG GCGTTGCATA GCCTACGAAT	600
	TCGTATTTT GCTTGTTATT TTTAGCATCT AATAAAAAAT TCATAAATTT ATATGCACCC	660
25	TCITTATTTT GTGCCGTTTT TGGAATTACC ATATTGTCGA ACCATAAATT CGATCCTTCT	720
	TTAGGAATAA CATAATTATA TTTATCCCCT TCTTGCACTA GAGGTGCTGC AACACCACTC	780
	CAAACAACCG CTATGTTACC TTCATTTTGT TGAAGCATCA TGGTAATTTT ATCACCTACG	840
30	ACACCTCTTA CTTGTGGTGC TAGTTTGGTT AAATCTCGCT CTGCTTCTTT TAAATGGTGC	900
	GAATTACGGT CATTAGATT ATACCCAAGT TTATTCAAAC TCATGCCTAT AATCTCTCTA	960
35	GCACCGTCAA CTAGTAAAAT TTGGTTTTTA AATTTAGGAT TATACAATGA CTTCCAACCTA	1020
	TCAAATGATT CATTGGATA CTTTTCTTTA TTATATAAAA TACCTACAGT TCCAAAGAAA	1080
	TAAGGTAAAG AATATTTATT GCCTCTATCA AATGACATAT TCATATAATC TGAATCTAAA	1140
40	TTTTTAATAT TAGGTACCTT ATTATGATCT ATTGGTAACA ATAAATGATC TCTTTTCAAT	1200
	TTTTGAACTG nATATTCAT AGGAnAAGCA ACATCATAAT GTGTACCGCC AGTGCGAATT	1260
	TTGGnGTCCA nCGCTTCATT TGAA	1284

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 505:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 5763 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

	ATAATTAACA TCTTTTGCTA TATACCACCA GTTTGATACA TAAAATATCG CAGCAATAAT	60
	ATCATGTTTA ACCCTAATGA TATTATCTGA TTTTAATAAT AAGGTTGCTG TCCCTACAAC	120
5	CATTAATAAA ACTATGACTG CTGGTAATAA ACGTTTTTAAA CGACGTATCC AAAAGCTTTT	180
	CAATTTAATG ATACCTGTGT CATCATACTC TTTGAGTAAT AAGCTTGTA TTAATAAACC	240
10	AGAGATCACA AAAAAATGTAT CCACACCTAA AAAGCCACCT GtCAACCATT GCTTATTTAA	300
	GTGGTAAATA ATAATTCCTA GAACAGCGaT TGCCCTCAAA CCATCGAGCC CTGGAATATA	360
	TCTCATTTTC TTATACTTTG TAAAACCCTT TGTTTTGTTC ATTTTTCAT TCTTCCCTTT	420
15	TAAACTGTT CTTCTTAGAT GCTTAATTAA ATTTAGTTAT GCTGTTTAAA AGAATATTGA	480
	AATGCATATG TATATTATTG AATTACGACA TCATCAAAAT CATATTGACT AAAATACTGT	540
	TAAATTAATA AAATTACCAA TGATGATTCT TACTTCGAAA TCCAATTGT AATGCAACTC	600
20	GGCAACTTAA AACTATGAA GTATTATGTA TTGTAATATA ACTGTAATAT AAATTCAATT	660
	TATTATAAAA ATTTTCAAGA AAATATTCAA CTAGAAAATG AATTGTGCAC TCTTGAAGT	720
	GCAAGTCACT GTCTTAATTC ATATTTTTTG AAACAAGTTA GATATAAATT TTCAAAATAA	780
25	AATCAGAAAC TAGAACATAA ATAAGGCTCC CTTCAAAAT TTCAATTTTC AATGTCTACT	840
	TTGAAGGGAG CTTATTACAA ATGAATTATA CTCTACAATG TTATATTGAC TGCGGGCCCA	900
30	AACACAGAGA ATTTGAAAA GAAATTCTAC AGGCAATGCA AGTTTATGTT AGCTCACACC	960
	AAGTGCAATC TTAGCGTAAC GTGACATCAT ATCTTTTGTG CAAGGTGGAC TCCATACGAT	1020
	ATTCACTTCA GTATCCTGAA TTTCAGGAAT CTCTGCTAAT ACTGTTTTAA CTTGaTCAAT	1080
35	AATTTGAGGT CCCATTGGAC ATCCCATTGA TGTTAAAGTC ATATCAACTG TACATACGCC	1140
	TTCATCATCA ACATTCACTT TGTATACTAA ACCCAAATTA ACGATATCAA TTCCTAATTC	1200
	AGGGTCAATT ACCATTTCTA ATGCACCTAA GATACTATCT TTCAATGCCT CTTCCATCCA	1260
40	TATCACCTCT TTAATGTCAT ATTATTCATA ATATATCAAA TATCCGACAA AACGCCAATA	1320
	AAATGCTATG ATGTATCTAT ATGAACCTAAG CAACTTATGA GGAGAGAGAT ATGCAACCAC	1380
	ATTTAATATG TCTAGACTTA GACGGAACAT TATTAAACGA TAACAAAGAA ATTTTCATCAT	1440
45	ATACTAAACA AGTATTAAAT GAATTACAAC AACGTGGaCA CCAAATTATG ATTGCGACTG	1500
	GCAGACCTTA TCGTGCAAGT CAAATGTATT ATCATGAATT AAATTTAACG ACACCAATTG	1560
50	TTAATTTTAA TGGCGCTTAC GTACATCACC CTAAAGATAA AAACCTCAAA ACTTGCCATG	1620
	AAATTTTAGA TTTAGGCATC GCACAAAACA TTATTCAAGG ATTACAACAA TATCAAGTAT	1680
	CGAATATTAT AGCAGAAGTG AAAGATTATG TTTTCATTAA CAATCATGAT CCAAGATTAT	1740

55

	AAGAATCCCC	TACCTCAATT	TTAATTGAAG	CCGAAGAAAG	TAAAATACCT	GAAATCAAAA	1860
5	ATATGCTTAC	TCATTTTTAT	GCCGATCATA	TTGAGCATCG	ACGCTGGGGC	GCACCATTCC	1920
	CTGTCATTGA	AATTGTAAAA	CTTGGTATTA	ATAAAGCAAG	AGGCATTGAG	CAAGTTAGAC	1980
	AATTTTTTAA	TATTGACCGA	AATAATATTA	TTGCATTGCG	TGATGAAGAT	AATGATATTG	2040
10	AAATGATTGA	GTACGCGCGT	CACGGTGTG	CTATGGAAAA	TGGTTTGCAA	GAAC TTAAAG	2100
	ATGTAGCGAA	CAATATTACA	TTCAACAATA	ATGAAGATGG	CATTGGTCGA	TATTTGAATG	2160
	ATTTCTTTAA	TTTAAATATT	AGATATTACT	GTTAATTTAT	AACTAATCAT	TTTATAATAT	2220
15	TTTAAACAA	TAGGAGGTAA	GTTACGATGC	CCAAAATAGT	CGTAGTCGGA	GCAGTCGCTG	2280
	GCGGTGCAAC	ATGTGCCAGC	CAAATTCGAC	GTTTAGATAA	AGAAAGTGAC	ATTATTATTT	2340
	TTGAAAAAGA	TCGTGATATG	AGCTTTGCTA	ATTGTGCATT	GCCTTATGTC	ATTGGCGAaG	2400
20	TTGTTGAAGA	TAGAAGATAT	GCTTTAGCGT	ATACACCTGA	AAAATTTTAT	GATAGAAAGC	2460
	AAATTACAGT	AAAAACTTAT	CATGAAGTTA	TTGCAATCAA	TGATGAAAGA	CAAAC TGTAT	2520
	CTGTATTAAA	TAGAAAGACA	AACGAACAAT	TTGAAGAATC	TTACGATAAA	CTCATTTTAA	2580
25	GCCCTGGTGC	AAGTGCAAAT	AGCCTTGGCT	TTGAAAGTGA	TATTACATTT	ACACTTAGAA	2640
	ATTTAGAAGA	CACTGATGCT	ATCGATCAAT	TCATCAAAGC	AAATCAAGTT	GATAAAGTAT	2700
	TGGTTGTAGG	TGCAGGTTAT	GTTTCATTAG	AAGTTCTTGA	AAATCTTTAT	GAACGTGGTT	2760
30	TACACCCTAC	TTAATTCAT	CGATCTGATA	AGATAAATAA	ATTAATGGAT	GCCGACATGA	2820
	ATCAACCTAT	ACTTGATGAA	TTAGATAAGC	GGGAGATTCC	ATACCGTTTA	AATGAGGAAA	2880
35	TTAATGCTAT	CAATGGAAAT	GAAATTACAT	TTAAATCAGG	AAAAGTTGAA	CATTACGATA	2940
	TGATTATTGA	AGGTGTCGGT	ACTCACCCCA	ATTCAAAATT	TATCGAAAGT	TCAAATATCA	3000
	AACTTGATCG	AAAAGGTTTC	ATACCGGTAA	ACGATAAATT	TGAAACAAAT	GTTCCAAACA	3060
40	TTTATGCAAT	AGGCGATATT	GCAACATCAC	ATTATCGACA	TGTCGATCTA	CCGGCTAGTG	3120
	TTCCTTTAGC	TTGGGGCGCT	CACCGTGCAG	CAAGTATTGT	TGCCGAACAA	ATTGCTGGAA	3180
	ATGACACTAT	TGAATTCAAA	GGCTTCTTAG	GCAACAATAT	TGTGAAGTTC	TTTGATTATA	3240
45	CATTTGCGAG	TGTCGGCGTT	AAACCAAACG	AACTAAAGCA	ATTTGACTAT	AAAATGGTAG	3300
	AAGTCACTCA	AGGTGCACAC	GCGAATTATT	ACCCAGGAAA	TTCCCCTTTA	CAC TTAAGAG	3360
	TATATTATGA	CACTTCAAAC	CGTCAGATTT	TAAGAGCAGC	TGCAGTAGGA	AAAGAAGGTG	3420
50	CAGATAAACG	TATTGATGTA	CTATCGATGG	CAATGATGAA	CCAGCTAACT	G TAGATGAGT	3480
	TAAC TGAGTT	TGAAGTGGCT	TATGCACCAC	CATATAGCCA	CCCTAAAGAT	TTAATCAATA	3540
55							

	GTTAGAATTA TGTTGGACTG GTACTACTAT CCAGTCCATT TTTTATGTTT AACATTTTTA	3660
5	GAATCAAAAA AGACATAAGG TCTTGGACTA ATAATTGTCC ATGCCTTATG TCATATACTA	3720
	TATGTCTTAT CAATTAGCCA ATACCGAATA ATTTTGATAT AGGSCCTAAC GGTAGAATGA	3780
	CACCTAATAC CATTGTGATG ATAATTAATG CAATTGTTAT CCAAAACATT GTGTGACTTT	3840
10	GTTTATGTCT CTTTCTTTTA GCAATCGACA CTTCCATCAA TCCAACACT GCAACACCAC	3900
	ACAGCATTTT CAATGTAAGC AACATATGAT TTGCCCCGCC ATTCATAAAT GACTGAATTA	3960
	ATATCCAAAA TCCTGAAATT AACGTCAACA GCATAAATAA GCGTAAATC ATGTGCAACG	4020
15	GTTTGAAAAA TGGTGATCTG CCTTGATTTT TTGAAATGTT TAAGTATGTA GCGATAAATA	4080
	AAATAATCGC TAATACCCAA CTTAATATAT GTAAATGTAA CATACTGATT CCCCCACTT	4140
	TAATTATTTA TATTATTAAA TTAAAGCTTC TTGGGATTAA TACCCACTTG CTGTGAATTT	4200
20	AATCATGATT TGATTATACA CGAATATATA TTCTACCACA CTTCTATATT TGAGAGGAAG	4260
	AACATGACAT TTTATTCCTT ATTAGAATAT TGTGAATCTG CTGTAAAATA ATCAACTACT	4320
	TCTTAATATC AATATTTTAC TTTTCTCTCA AAATGGTAAC ATTATAAATA ATTTATCTTT	4380
25	AACACCTTTT TAGAAAAGCA AGAAAAAAT AACCATCTA TATAAAGACT GGTTAGCTTT	4440
	TTAAATGATA ATTATTTAGC GATATAAGTT GTCAGCGTTC CAATATTATC AATAGTCACT	4500
30	TTAACTTCAT CACCTGGTTG TAAAAATTTA GGTGGTTGCA TACCTGCACC AACGCCTGCT	4560
	GGTGTACCAG TTGCAATAAT ATCTCCCGGA TGTAGTGCAA CATATTTTGA AATTTCTTCT	4620
	ATTAATTCAT CAATTTTAAG AATCATTTTCG CCAGTGTTAC CATCTTGTCT AATTTTCATTG	4680
35	TTAACTTTTG TAACAATATT TACATTTTCA GGTAAATGGTA GTTCGTCTTT AGTAACGATA	4740
	TAAGGACCCA TTGGGCAACC GCCAGTTAAA CTTTTTGATA AAAATGCTTG ATCTTGTTCA	4800
	CTTTGTGCTT TGCATCAGT GATATCGTTA ATAATTGTAT AGCCGTAAAC ATAATCTAAA	4860
40	GCTAATGCTT TTGGAATCTT TTCACCAGAC TTACCAATAA CAATACCTAA TTCACCTTCA	4920
	TAATCTAATT GATCAGTAAT ATCTTTATGA TTTGGAATTG TTGCATTATC TCCTGTTAAA	4980
	GATGACGCTG CTTTTGTAAA TACATATAAT TTTCCACTT CATGATTTAA TTCGTTGCGA	5040
45	TGATCTTTGT AATTTCTACC AAAAGCAATC ACATTATTCG GAGGTGTTAC TGGTGGTAAA	5100
	AATTCAATGT CATTAAATGA AATTTTATAG TCTTCAGCTT TGCCGCTATC TTCTGCTGCT	5160
50	ACAACTGCTT TACGTACTTG TTCTTGAAAA TCTAAAGTAT GATTTTGTG TAAACCAGCT	5220
	AACAATGTTT TAGGATGGAA ATCTCCTTCT GCAAAGTCAG CAAATACTTG TGTAAATCC	5280
55	CATACAGCAT CTTGCGTTT TACTTTAACG CCATATGAAG TTTTGTCAAT ATACTTGAAT	5340

TTGGTTATCA AATAACAAAT AAATAAGTAA GACAATTTTG AAAATGAGTT GTGTTTCATTG 5460  
 TGCTACAAGG ACTTTGCACT TAATCGAAAT TATTTTTTAT TCTTTTGAAA ATCAAAATAC 5520  
 5 TATAGTTGCA ATGTACCAAA TTTGAAGAAG TATAAATAAC CTTTAACTTC TTTATTAAAGA 5580  
 ATCGTTTGAA GCGTATTTTG ATAATATTTT ATCTGTATCT TATATTTATT TTTTAATTGT 5640  
 10 GTACCAATTT CTTTCATCTGT CATCCCACGG CGACGATTAA ATGCATCGGT TTTATAGTCT 5700  
 ACAAATAAT GCACACCATC TTTAACAAAG ATTAAGTCAA TCATACCTTG AATAATTGAG 5760  
 ACG 5763

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 506:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 422 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 506:

25 CCATATGATT TTGTGCAATA ACTCTTTTTTC TTTCTTCTTT TCGTAAAAAG TTGTACATCG 60  
 CTTTGTGTT TAAGAGACTA TTGTTTTCTT TAGGTTTTTG AACTTCACTC AGTGTATTTT 120  
 TAGTTGTTAA CACTAAAATT CCAACTGTTG TATCTTTGTA TCTAGCCATA ACTTTATTCA 180  
 30 GATGTTTGTC ATTTGTAATA ACTACGACAT AATTAAACAC TTCATAATAA TCATTAATTT 240  
 GATTATCTAA TCTATCCAGC TTATCTAATT CTGTTTTAAT CTCATAGACA ACGCCTTTGC 300  
 35 CGTTTAACAA TATAAATCA GCAATACTTT TCCCTATGGG CATCTCAGAA AGTGCAGTAG 360  
 TTGTATTAAT AGAATGTCGT CCTAGAAGGA GTkTATTAAG TATnGTGTTT TTGTAAAAAT 420  
 AT 422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 507:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1188 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 507:

50 GCTTATGTAT TCTCAAAATA TTTATGTGAT ACGCAAAGGA GACATGGTTA TTCGACCAGC 60  
 ATTTGATGAT GACGATCAAA GAAACGGTAG TGAAATAATT CGGTTTGACA AAACGCGTAT 120

EP 0 786 519 A2

TTATCTTGGC AAGAAAGCAG AGACAAACCG CATTACTGGC ATTTCTAGTA AACCACCTAT 240  
 TTTACTAACA CCATTATTTT CAACTTATTT TTTCCCAACA CATTCTGACA GACAAAATGA 300  
 5 AAATATTTGG TTAAATATGC ATTATATCGA AAGTATTAAA GAATTAAAAA ATCGTAAATG 360  
 TAAAGTGACA TTTATTAATA ATGAATCAAT CATTCTTCAT GTTTCATACC ACAGTTTATG 420  
 GCATCAATAT AACAAATCCA TTTTCTACTA TTACATGGTA GATAAACAAT CTCGCATGAT 480  
 10 ATCAAAAAAT CCCGACCAAC CAATAGATTA TAATAAAGCC ACATTGAATG TGTTTGAAGC 540  
 ATTGACACGC TATTCTTTAT TTGAAGATAA ATAAATGTGT TATTTTAAA ATATGCGGAA 600  
 TGTTTTATAA ATATAGTGTA AATGTTCTGC ATATTTT TTTT AAGGTATCTA TTGCAAATTA 660  
 ACTTAATCTT GTTATAATAA TATTTGTGCT TGaTATTCAA ACACATACAA ATTAATCCAC 720  
 AGTAGCTCAG TGGTAGAGCT ATCGGCTGTT AACCGATCGG TCGTAGGTTT GAGTCCTACC 780  
 20 TGTGGAGCCA TTGGAACGT ACTCAAGTTG GCTGAAGAGG CGCCCCTGCT AAGGtGTAGG 840  
 TCGCGAAAgG CGCGAGGGTT CGAATCCCTC CGTTTCCGTT ACTTGCTAAA ATGGTATATA 900  
 CCATTTTAnC TTTTTTGTTT ACTTATATAT AATGAATGAG AATTTCACTG TTCTTTTATA 960  
 25 TCAATTTTAA AATTCTAAAA ACCTTTCCTA GATAATCTTC TCTAAGAAAG GTTTTTATAC 1020  
 TTGTTGAAC TATAATTAAT TTATTACATA GCAATATTTA CCTGTTTTTA ACTATAAAAT 1080  
 TATCACTACA TGAAATACGA TAATTCGGaT CTCTTAACTT CTCTGCaATT AATGtACTCA 1140  
 30 TTGgTTTCAT CGTATGATTC ATGTATAATA GCATTtkTTA AATAATTC 1188

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 508:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 840 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 508:

CCCAACTTCG GTTATAAGAT CCCTCAAAGA TGATGAGGTT AATAGGTTTCG AGGTGGAAGC 60  
 45 ATGGTGACAT GTGGAGCTGA CGAATACTAA TCGATCGAAG ACTTAATCAA AATAAATGTT 120  
 TTGCGAACAA AAtCACTTTT ACTTACTATC TAGTTTTGAA TGTATAAATT ACATTCATAT 180  
 GTCTGGTGAC TATAGCAAGG AGGTCACACC TGTCCCATG CCGAACACAG AAGTTAAGCT 240  
 50 CCTTAGCGTC GATGGTAGTC GAACTTACGT TCCGCTAGAG TAGAACGTTG CCAGGCATAA 300  
 TATTAATCCA CAGTAGCTCA GTGGTAGAGC TATCGGCTGT TAACCGATCG GTCGTAGGTT 360

55

GGCGGTAACA CGGGTTCGAG TCCCGTAGgA GTCATACAAG CAGAAGTGAA ATATCGCTTC 480  
 TGTTTTTTTA TTACATATTT ATTGTTGAGG AAGGTTGTCC GAGCTGGCCG AAGaGCACGC 540  
 5 CTGGaAAGTG TGTAGGCGTC ACAAGCGTCT CAAGGGTTCG AATCCCTTAC CTTCCGTAAA 600  
 GGcGCTTAAA TTGGTTTTAC CCATTTTAAG CGCTATTTTT ATTTTGGA CTATCCCTTG 660  
 ATATATCTGC ATTTGAGCTA TTATCCTCAT TTTTACACTT CTTATTTATT TATATCCATT 720  
 10 TAAAATTTTT TAGCCACAAT GTGACTAATT TTTGaTGAAT AATCCTAATT TTAGtCACAA 780  
 GATTTTGAAG TTTAGTCACA AAACAAATCA TTCAGATTTT TTTCyATAAA TTTAGTTTCA 840

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 509:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1373 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 509:

TTCTATGAAA CTATCAGCTG TTTCTTTTTT CTTGGTAAAA ATCGTTTTAA CGCCATGATA 60  
 CATGTATTCT CTTTCAaCAC CCGATTGGTC ATAAGCATCG AAAACACAAA TAATTTTCATC 120  
 TGAAATAACT GCATTATAAT TTGCAATTGC ATCTATTAAT TGCATTCTAG CTTCTTCTAA 180  
 30 ATTCTCTTTT GCAATGGCGC TTAGCGTTGG TGATTGTCCT ATCATATTGT ATCCATCAAT 240  
 GATTAAGTAA CGTTCCTTCA TTATATTTCT CCAACATCAT GTCTTTTTTCG AAATACTTCG 300  
 TACATCATTA AACTTGCTGC AACC GAAGCA TTCAAAGTGT TTACATGTCC AACCATTGGA 360  
 35 ATCTTAATAT AAAAATCGCA TTTATCACTT ACTAGGCGAC TCATACCCTG TCCTTCGCTA 420  
 CCAATTACAA TAGCCAATGA CATGTCCGCT TCTAGATTTT TATAATCTGT TGCATTATTA 480  
 40 GCTTCAGTGC CAGCTACCCA AAAGCCATTA TCTTTTAGTT CATCGATAGT TTTAGCTAAA 540  
 TTTGTCACTC GAATAACTGG TACATGTTCA ATTGCACCTG TTGAGGCTTT TGCAACTGTT 600  
 TCGGTTAGTG TAACTGAACG ACGTTTAGGA ATAATAACAC CATCAACTCC CGTTGCATCG 660  
 45 GCTGTTCTTA AAATTGATCC CAAGTTATGT GGGTCTTCTA AGCCGTCTAA TATAAGTACT 720  
 GTCAATAAAC CTTCTTTTTT TTTTGTGCTGT TTTAAAAATT GATCGAAGTC AGCATATTCA 780  
 TATGGTGCAA TAAGCGCTGC AACACCCTGA TGTGGTGCAT TTGCTAAAAA ATCTAATTTA 840  
 50 GATTTTGGTA CAGTTTGAAC AATGATTTTT TGATCTTTTG CATTTTTTAA AATTTTCATTA 900  
 ATTTGTTGCT TTTTAATACC TTCTTGAATC AATATCTTAT TTAYCGGATG CCCAGTAATA 960



TTCGTTTACT ATTGTTATTA TTTTATTTAA TAATGCCTCT AATCGTTCTT CTCTTTTTTC 1080  
 TAAATAaAGA AAACCTATCA CTGCTTCTAT CkCTGAACTT TTACGATATG TTTGAACATC 1140  
 5 AGTGTTTTTA GCTTTAGTAT GACTTTTCGC GTTACGCCCT CGCTTCAAAA TATCCATTTC 1200  
 TTCGTCTGTA AACCATTCTT GCTCCATTAA ATATTCTAAC GTTTGCGCCT GACTTTTGGC 1260  
 10 AGATACATAT TTTTtagaca TTTGATGTAG TTTATTAGGC TTACTTTTAA GCTTTAAAAC 1320  
 GATATAGGTA CGTACATATT GATCTAaGAC TGCCTnCCC ATATATGCTA AGG 1373

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 510:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 717 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 510:

TCAAGTGCCA ACTACACAAC TGATTTACAT TCTTTAGGTC AATATGTACA AGAAGGCCGT 60  
 25 CGCTTCTTAT TCGAAACAGT TGTAaAGTA AATCATCCTA AATATGATAT TACTATTGAA 120  
 AAAGATAGTG ATGATCTAGA CGGATTAAAT TATTTAGCTG GTAAAACAAT CGACGAaGTT 180  
 AACACAAAAG CATTCTGAAGG TACATTATTA GCGCATACTG ATGGTGGTGT TCCTAACATG 240  
 30 GTAGTGAACA TTCCACAATT AGATGAAGAA ACTTTCGGTT ACGTCGTATA CTTCTTCGAA 300  
 CTTGCTTG TG CAATGAGTGG ATACCAATTA GGCGTAAATC CATTTAACCA ACCTGGTGTA 360  
 35 GAAGCATATA AACAAAACAT GTTCGCATTA tTAGGTAAAC CTGGTTTTGA AGaCTTGAAA 420  
 AAAGrATTAG rAGAACGTTT ATAAAATACA TTACTTCAAa GATTAGTGAA GTTTGAAAAG 480  
 ATAGAACTAG ACGTTAACTA TTTAAAGCAT ATTTTCGAGG TTGTCATTAC AAATGTAAAA 540  
 40 ATGTAATGAC AACCTCGTTT TTATTTATAT GCAAGAACTA GGTTACTAGC TAaTGTGACA 600  
 AGATGTTAAG AGAAAATTAA aGATAAAATA ATATCTGCCT TACAATAATA TTGTTATACT 660  
 ACTAGnGACT GATTTATTAG CATGATTACA TGTTAATGTT TCTTTACTTA GTAATTA 717

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 511:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2700 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	AATCTAATTT	TTCCTCCTAA	TCTCGGATTG	GATAGTGGTC	AATTTTTCTG	GCCCGCCATT	60
5	TTAGCGTTTG	TTCTAACTGG	GATTGGTTTA	CCATTATTAG	GTGTGATTGT	AGGTGCACTT	120
	GATAAAGAAG	GATATATTGG	CGCATTAAAT	AAAATTTTAC	CTAAATTTTC	AATATTGTTC	180
	TTAATCATCA	TTTATTTGAC	TATAGGACCA	CTTTTGGCAA	TACCTAGAAC	TGCATCTACA	240
10	TCTTTTGAAA	TGACAATTAC	ACCAATTATA	CATAGCAATA	GTAGTATCGC	TTTATTTATA	300
	TTTACGATTA	TCTACTTCAT	AGTCGTTTTG	TATATTTGTT	TAAATCCATC	TAAGTTAATC	360
	GATCGTATTG	GTTCAATTATT	AACACCATTA	TTATTGATTA	CTATTTTAGC	GATGATTATT	420
15	AAAGGATACT	TAGACTTTAG	CGGTAATAGT	GCTGGAAAGG	GCAATGAAGC	ACTATATCAT	480
	TCTAATTTTT	CAAGTTTTGC	TGAAGGCTTT	ACACAAGGCT	ATTTAACAAT	GGATGCCATT	540
	GCAGCAATTG	CTTTTTCAAT	GATTGTTGTT	AATGCAGTAA	AACTAACAGG	CATTACTAAA	600
20	ACAAATCAAA	TATTCAAACA	AACTTTGACT	GCTGGTTTAA	TTGCAGCCGT	AGCTTTAATT	660
	TTCATATATA	TTTCATTAGG	TTATATTGGT	AATCATATGC	CAGTAAGTGA	CATGACGTTA	720
	GATCAATTGA	AATCCAAAGA	TCGAAACATT	GGGACATATT	TATTAACGAC	AATGGCTTCA	780
25	ACAGGATTTG	GTTCAATTCGG	AAAATATTTA	TTGGGCATCA	TTGTGGCGCT	GGCATGTCTA	840
	ACTACAGCAT	GCGGGCTTAT	TGTTGCAGTT	TCTGAATATT	TCCATAGAAT	CGTACCTAAA	900
	GTATCATACA	AAGCATTGTG	ATTAGTTTTT	ATTTTAATGA	GTTTTATTAT	TGCTAACCAA	960
30	GGTTTAAATG	CTGTTATCTC	AATGTCAATT	CCGGTATTAA	GCATTGTATA	CCCAGTAGCA	1020
	ATAACTGTTG	TATTATTAAT	TTTAATTGCC	AAATTCATAC	CGACAAAACG	CATTTACAAA	1080
35	CAAATTCAG	TTATTATCGT	ATTTATATTG	TCGATTTTCA	GTGTTATTAG	TAAGTTAGGT	1140
	TGGCTGAAAA	TTAACTTTAT	AGAATCATTG	CCTCTAAGAG	CGTATTCCTT	AGAGTGGkTC	1200
	CCAGTAGCAA	TTATTGCAAC	GATATTAGGC	TATCTAGTCG	GCATATTTGT	AAAACAAGAT	1260
40	CCAATTAAAT	ATCAACAGGA	ATAACGAATA	ATATAAAAGA	GGTTGGGACA	TAAATCCCTA	1320
	AAAAACAGC	AGTAAGATAA	TTTTCAATTA	GAAAATATCT	TACTGCTGTT	CTCTATTTAT	1380
	ACAATACTTC	GTATTGAATG	GCTTCGCTTT	CCTAGGGTGC	CGTCTCAGCC	TCGGTCTTCG	1440
45	ACTGGCACTG	CTCCCTCAGG	AGTCTCGCCA	TTAATACTAC	GTATTAACGT	GTAATTTTAC	1500
	TTTGAAATAC	TTTAAAAAAA	TAAGACACTT	TGCCCAACTT	GCACATAAAT	GTAAAATTCA	1560
	ATAAAATAAA	TTTTCTGTGT	TGGATCCCTT	CGTATAATTT	AATAAATACT	ACTAAACTAA	1620
50	ATTAACGAGG	TGCCTTATGT	ATAAAAATTA	TAACATGACC	CAACTTACAC	TACCAATAGA	1680
	AACTTCTGTT	AGAATTCCTC	AAAATGATAA	TACGCGATAT	GTTAATGAAA	TTGTTGAAAC	1740

55

AAGATATGCA TACCGTAATG ATAGATATAG TTTTAAACGT GACTTCAAGC TATATGAATG 1860  
 TGATGACTGT TCATCATGTT CTTTGAGACA TCAATGCATG AAGCCAAATT CGAAATCCAA 1920  
 5 TAAGAAAATT ATGAAGAATT ATAATTGGGA ATACTTTAAA GyCCAAATTA ATCAAAAGCT 1980  
 TTCTGAACCA GAAACGAAAA AAATCTATAG TCAAAGAAAA ATTGATGTAG AGCCTGTTTT 2040  
 10 TGGATTTATG AAGGCTATTT TGGGTTTCAC TCGAATGTCA GTTCGAGGAA TAAATAAAGT 2100  
 TAAACGAGAG CTAGGTTTTG TATTAATGGC ACTTAATATA AGGAAAATAG CAGCTCAACG 2160  
 AGCTGTACAT TATAAAATAC ATATCAAAAA AGCTGATTTT TATCAAATAA TTAATAGAAA 2220  
 15 TCAGCTTTTT TACATTGCCT AAGAATTTAA TGTCCCAAGC CCTTTTTATC GAATAACTTA 2280  
 TTGTAAACCT TGTCTTTCTT GGTATTGTGTT TTCGTTATTT TTTTCGTGTT TTTGTTTCCA 2340  
 CTCTTTTTGA GTCATTACAT CGTCAACTTG CATGTTAAC TCAACTACAT CTAAACCAGT 2400  
 20 AATATATTTA ACTTGTTCTT TAACTAATTC AGTTACTTTA CGGAAGATTT TTGGTGCTGA 2460  
 TTCACCATAT TCTAAGATTA CTTTTAAGTC TACAGCAGCT TGTTTTTTAC CAACTTCAAC 2520  
 AGATACACCT TGAGTAACAT TGTTGCCACT TGAGAATGCA TTAGTGAATG TATCAGTTAA 2580  
 25 GCCACCTTTC ATATCTAAGA TACCTTTAAC TTCACGTGCA GCGATACCAG CAATTTTTTC 2640  
 AACCACTTCA TCAGAGAATG TTAATTTGnT TTTGAATTGA GGCTCCTGAT TInGTTnTG 2700

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 512:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1135 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 512:

40 ATCAAATACA ATAATTAAAA TAaTGGCTAA TACaCCTaaa ATaATAATcG AGTTaGAGTA 60  
 GCCTAAGCGA yCACCcTAAC aGTArACATT CTAGGCATAT ATTTaTCTTT AGACATTGAA 120  
 GCCGCTAACA TCGGAAAAGC TGTAAATCCA GTGTTGGCTG CTAATACCAA AATCATCAGC 180  
 45 GTCGTTGCCT GTACAAAATA GAAGGCAGCA TTATCACCAA ATATTTGCAT AGCTAATTGT 240  
 GATAAACTG TCGTTTCCGT TTGTGGcAAA ATTCCATAAA CATATGCTAA ACCAACGATA 300  
 CCAACTAATA AAAACGCTAA AATTGAACCC ATAGCAATTA ACGTTTTTAC AGCATTTTTA 360  
 50 GCACTTGGCT CTCTAAAATT GGTACCgCA TTTGAAATAG CTTCAACACC CGTTAACGAT 420  
 GAAGCCCCTG ATGAAAATGC TTTTAATaSc AAGAATAATG TTACTCCAGG AACCGCAGTT 480

AATATTAATA TCACTAACCC TATAATGAAA AGATATACTG GATAGGATAA TACGGTGGCA 600  
 GATTCAGTTA AACCACGTAA ATTTAATATT AAAATAAAAA GTACAAGTAA ACATGCAATC 660  
 5 AGT~~r~~CkTTAT GCCCATATAA ACTTGGGAAT GCAGCAACAA ATGCATCAGC ACCAGATGAT 720  
 AT~~m~~CTAACAG CGACAGTCAG TATGTAATCG ACTAATAATG AGCCTCCTGC AAGCAATCCC 780  
 CATT~~t~~TTTCTC CTAAATGGT CTTGGACACC ATATACGCGC CGCCACCTTT AGGATATGCA 840  
 10 TAAATAATTT GCCTATAAGA CATAATTAAA GCAGCTAATA AGATCAGAAC AGCACCTGCA 900  
 ATCGGTAAAG TATACCAAGT TGCAACTGCA CCCACTACTG ATAGTGTAAT CAGTATTTGT 960  
 15 TCGGGACCGT AAGCCACTGA AGATAATGCA TCCGACGAAA GAATCGCTAA CCTTTTAAAC 1020  
 TTCGATATCT TTTCTCTTT TAGTTCTCTG TTTTTTTTAG GTTGCCCTAT AATAAG~~c~~CTT 1080  
 TTAAATTGAT kGACATAAT~~c~~ TCCTATTCCT TTTTATAGTT T~~h~~GATGGAA ATCAC 1135

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 513:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 918 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 25 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 513:

TTATGGTAAA ACTTTAACAC AAGCATTACA TAAATCGCAA TCATTTATGT GGCAAAAACG 60  
 TTGAATTTAA GCCATTTCTA TTCATTTTAC GTAATTATTA GCCGTATATG TGTAATAATA 120  
 35 CACATTTTAT TCAGATTTT TATCGCGCTC CATTAAATCT TTTACGCATT CTTTACTGA 180  
 GATATTTTCA AATAATACTC TATATAATGC ATTTGTAATT GGCATATCCA CATT~~t~~TTTTC 240  
 TTTAGCTAAA TGATAAACTG ATTTAGTTGT ATAAATACCT TCAACAACCA TATTCAT~~t~~TC 300  
 40 AGATAATGCT TGATCCATTG ATTCACCTTG TCCAAGTTTA TATCCTAATG TGAAAT~~t~~TCCG 360  
 AGAATGTGTT GATGTGCAAG TAACGATTAA GTCACCGATA CCACCTAAAC CTAGAAATGT 420  
 CATAGGATCG GCACCTAACT TTTACCTTAA TCTACTAATT TCCGCTAAGC CACGAGTCAT 480  
 45 TAATGCAGCT TTTGCATTAT CACCGTAGCC AATTCCAGCT ACGATACCAC TTGCTACTGC 540  
 GATGATATTT TTCAATGCAC CACCAAGTTC AACACCAATC AAGTCATCAT TCGTGTACAC 600  
 50 ACGCAAATAA TCATTCATAA ATAAATCTTG CGTTAATTTA CTTACACTTT TATCTTTTGA 660  
 TGAAGCAGCA ACTGTAGTTG GTTGCTTGAC TACAACCTCT TCCGCATGAC TTGGCCCTGA 720  
 CAACACGCCA ATACCTGCAT TATATTCAGG TGAAATAGAA TCTTCAATCA TTTCTGACAC 780

CAGCTTATCA TTAATTTGAG AAGCAACTTC TCGCATTGCT TTAGTAGGTA AAGCCATTAA 900  
GTAAATATCT GCAAATTG 918

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 514:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 587 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 514:

CAATACTCGG TATTATAGAT AGTCCTACTA CATTTATATG GGTTCGTATC ATTACATTAA 60  
TTGCACATCA ACTTGAAGGT AATATCATT A CACCAAATGT AATGGGTAAA TCTTTAAGTA 120  
TCCATCCTTT AACAAATTATC GTTGTATTAT TAGCAGCAGG AGATTTAGGT GGCTTTACAT 180  
TAGTTCTGAT TGCAGTGCCA TTATATGCTG TACTTAAAAC GGTTCGTAGT AATATTTTCA 240  
AATACCGCCA ACGCATTATT GATAAAGCAA ACAGTAATGT TAAGGACTAA TTCTGTGGAT 300  
GTCTTTTAAG AATATAAGAT ACTATCGCAT CAAAAGTTGA AACTACAGCT TTTGAGGCGA 360  
TTTTTTTGTG CATAAAAAAT CAGTCMAATG AAATATCAAA TAATTTTCCA TCAGTCCGAT 420  
TATTATAAAA GCAAAAAAGC TTTGCTCACA TATATAATAA CGTGAACAAA GCTGTTGAAT 480  
GATATTATTT AATTGCGTGG AATCCGCTAT CTACATGAAT ATTTTCACCT GTAACGCCAC 540  
TTGATAAATC ACTTAATAAG TAAGCCGCAG TTTTACCTAC TTCTACT 587

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 515:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 812 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 515:

GGTTCATTCC AAAAAAGTAC GCGATAATTA GCGAAGAAGA ATTTGAAAAT TTAAATGTTG 60  
TTAAACCAAA TAAAAATAAT GTTTTCTGGT CAGTTATAGG AAGTTCGGTT TTGTTTGGAG 120  
TTACTTTAAG GAAATACATA CATGTTTTTG ATGTTCAATT AGATAAGCTA GTTGTAATGA 180  
TATTGTGTGC TCTCGCTTTA ATTTGTGTTA TAGTTTTTTT TTTTAACTTA AATAGAAAGC 240  
TTAAGTTAAA AGTGTGTTGAT ACAAATATTG AAAAAATAA GAGAGTTATA TAAAwACCAA 300

TTTCATTAAT TGCCCTTATG ACAATCGAAC CTCAAAATAT AATAATATTT ATTTATTGGA 420  
 TTATGATGAC AATGCTTTTC TTTTGTGTTAA ATATGACTTC GATAGGTAAT GAAAAAGTTC 480  
 5 GCGTTATAAT GAAAAATAAT TGATTACATT TAAAATATTC TAAATGTTGT CGACACAATC 540  
 CTTTTAAGAC GCTAGTAGAA TTAAATGAC TTCTAATGTA TATGAAAGTG TATCAATATA 600  
 10 AAACCAATTG AAAAGAAGTG GAGACATTGC TTTGTGAAAC TGAAAATATT AATAAGAATC 660  
 CCAATATAG AATTATCAA TACAAAGATG AATATTTGAT GATTGATTTA GTAAGTACAT 720  
 GGTTAGCACT CTTTTTCCCA ATGATTAATT GGCTGATTCC AAAAAAGTAC GTCAAAATCA 780  
 15 GCGAAAAAGA TTTTGAACT TTAAACATTG TG 812

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 516:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 526 base pairs  
 20 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25 . (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 516:

GTTCTATTAT TTCTTCCAAT GGTAATGGAT TTTGTAATAA TGATTGATAT AAGTTGATAA 60  
 TCTCAATAAC TTTTAATTGA TCTGGAAACA TCGTTTTTTG GAACATTATA CTGCGATTTT 120  
 30 CACTTTGTAA TAACTTGTCT TTATCAAATA TCTCACCAGA ATTAGCATT AATTACCAA 180  
 TTAATATATC AATTAACTT GACTTTCCAG CACCATTTTT TCCAATTAAA GCGATACATT 240  
 35 TACCTTGTTT AATATCGAAC GAAATATTTT TTAGAACACA TCTTTTATTA AATGACTTGT 300  
 TGATATTAGA TATTTGAATC AATTTAATCA CCTCTATTTT TTTCTTAATT TAATATTAGT 360  
 AAATTTATTA GATTTAAAT AGAACACTTT GTCATAGATT TGAAATGACA AATGTCATTA 420  
 40 TTAGATkTAC ATAATATATT TATCGTtATT TTAATTTTGG GCAAAATAAA AAGAGCCTCT 480  
 ATAATCGrGc TCCTTACAAA TAAATTATAA AAttGGCGAA cTAAAT 526

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 517:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4544 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 517:

	GGAACACCTA AAGAAAGAAA TGATGCATTA AACACAGAGG CTGATATCTA TGTAACCAAT	120
	AAAGAAAATA CTAATGGTT ATGCGATCAA TATAAAAAAG AATGGCCATT TGATATGGTT	180
5	GTAATTGATG AACTGTCTAC ATTTAAAAGT CCTAAGAGTC AAAGGTTTAA ATCTATTAAA	240
	AAGAAATTAC CACTCATTAA TAGATTTATA GGATTAACAG GAACACCTAG CCCAAATAGT	300
10	TTACAGGATT TATGGGCTCA AGTTTATTTG ATAGACAGAG GCGAAAGACT TGAGTCTTCA	360
	TTCAGTCGTT ATCGAGAAAG GTACTTTAAA CCAACACATC AAGTTAGCGA ACATGTTTTT	420
	AACTGGGAGC TAAGAGACGG ATCTGAAGAA AAGATATATG AACGAATAGA AGATATATGT	480
15	TTAAGCATGA AAGCGAAAGA TTATCTAGAT ATGCCTGACA GAGTTGATAC TAAACAAACA	540
	GTAGTCTTAT CTGAAAAAGA AAGAAAAGTA TATGCAGAAT TAGAAAAAAA CTATATTTTA	600
	GAATCGGAAG AAGAAGGAAC AGTTGTAGCT CAGAATGGGG CATCATTAAG TCAAAAACTA	660
20	CTTCAACTAT CTAACGGTGC AGTTTATACA GATGATGAAG ATGTAAGACT TATACATGAT	720
	AAGAAGTTAG ATAAGTTAGA GGAAATTATA GAGGAGTCTC AAGGCCAACC AATATTATTG	780
	TTTTATAACT TCaAACATGA TAAAGAAAGA ATACTTCaAA GGTTTAAGGa AGCAACCACA	840
25	TTaGAGGATT CAAACTATAA AGAACGTTGG AATAGTGGAG ACATTAAGCT GCTTATAGCA	900
	CATCCAGCAA GTGCAGGGCA TGGATTAAAC TTACAACAAG GTGGGCACAT TATTGTTTGG	960
30	TTTGGACTTA CATGGTCATT GGAATTATAC CAACAAGCAA ATGCAAGATT ATATAGACAA	1020
	GGACAAAATC ATACGACTAT TATTCATCAC ATTATGACCG ATAACACAAT AGATCAAAGA	1080
	GTATATAAAG CTTTACAAAA TAAAGAACTA ACGCAAGAAG AATTGATGAA AGCTATTAAA	1140
35	GCAAGAATAG CTAAGCATAA GTAATGGAGG TATAAGATGG GAAAGGCATC ATACGATATT	1200
	AAGCCAGGTA CATTTAAATA TATTGAGTCA GAGATATATA ACCTACAAGA GAACAAGAAA	1260
	GAGATAAATA GATTGAGAAT GGAGATACTT AACCCAACGA AAGAGCTAGA CACTAACATT	1320
40	GTGTATGGAC CGTTGCAAAA AGGTGAACCA GTTAGAACAA CTGAACTAAT GGCAACAAGG	1380
	TTATTGACTA ATAAGATGTT ACGAAACCTA GAAGAAATGG TCGAAGCAGT TGAAAGTGAA	1440
	TACTTAAAGT TACCTGAAGA TCATAAGAAA GTAATTAGGC TAAAGTATTG GAATAGAGAT	1500
45	AAGAAGCTAA AGATAGAGCA AATAGGAGAT GCATGTCACA TGCATCGTAA TACAGTTACT	1560
	ACTATACGAA AGAACTTTGT TAAAGCGGTA cGwLATCATG CAGGTATCAA ATAACATTGT	1620
	GCAAAGATTG TGCAAAAGGC CTACAAATCT GTAGTAATAT GATAGTATCG GAAAGATGTA	1680
50	TAAAGTTATC TAAAAGTTAT ACGACACAAG TACACGAGGC ACATCGCTAT GCGtGTGTCT	1740
	TTTGTtatgc AATCAAAGAG GTGTAAGAGA TGACCAAGCA TAATAACATT TATAAGCATG	1800

55

	AGATAGCATT AGATAGGGAT AATCATCTTT GTCAAATGTG TTTACGTGAA GACATAGTAA	1920
	CAGATGCAAA CATAGTGCAAT CATATTATTT ATGTTGATGA AGATTTTAAT AAAGCTTTAG	1980
5	ACTTAGATAA TTTGATGTCA GTTTGTTATA GCTGTCATAA CAAAATTCAT GCAAATGATA	2040
	ATGACAAAAG TAATCTTAAG AAAATTAGAG TATTAAAAAT TTAAATAAAA AAATAATTTA	2100
	TTTTTATAGC CCCCTACCCA TCGGCTTAAA ATGTTTTTTC GACGGGTACC GCGGGGGGCC	2160
10	CTTCGCTTGC AACGCGGATA AACTTTTATG AAAGGGGGTC TTTATATGAA ATTAACAAAA	2220
	AAACAGCTGA AAGAATATAT AGAGGATTAT AAAAAATCTG ATGACATATT AATTAATTTG	2280
15	TATATAGAAA CGTATGAATT TTATTGTCGG TTAAGAGATG AACTTAAAAA TAGTGATTTG	2340
	ATGATAGAGC ATACAAACAA GGCTGGTGCG AGCAATATTG TTAAGAATCC ATTAAGCATA	2400
	GAACTGACAA AAACAGTTCA AACACTAAAT AACTTACTCA AGTCTATGGG TTTAACTGCA	2460
20	GCACAAAGAA AAAGATAGT TCAAGAAGAA GGTGGATTCT GTGACTATTA AAGTTTTAAA	2520
	TGAACCTTCA CCAAACTAT TAACAACATG GTATGCAGAG CAAGTCACTC AAGGGAAAAAT	2580
	AAAAACAAGC AAATATGTTA AAAAGAATG TGAGAGACAC CTTAGATATC TAGAAAAATGG	2640
25	AGGTAAATGG GTATTTGATG AAGAATTAGC GCACCGTCCT ATTGATTCAT TAGAAAAGTT	2700
	TTGTAAACCT TCCAAAGGAT CTAAACGTCA ACTTGTATTA CAACCATGGC AACATTTTAT	2760
	TATTGGCAGT TTGTTTGGTT GGGTTCATAA AGAAACAAAA CTGCGCAGGT TTAAAGAAGC	2820
30	TTTGATATTT ATGGGGCGAA AAAATGGTAA AACAACTACT ATATCTGGTG TTGCTAACTA	2880
	TGCTGTTTCT CAAGATGGAG AAAACGGCGC TGAAATCCAT CTTTATAGCA ACGTAATGAA	2940
	ACAAGCTAGG ATTCTATTTG ATGAATCTAA GGCATGATT AAAGCTAGCC CAAAGCTTAG	3000
35	AGAAAATTTT AGACCTTTGA GAGATGAAAT TCATTACGAT GCAACTATAT CTAAAATTAT	3060
	GCCACAGGCT TCAGACAGTG ATAAGTTGGA TGGTTTAAAT ACACATATGG GCATTTTGA	3120
40	TGAAATTCAT GAATTTAAAG ATTATAAATT GATTTTCAGTT ATAAAAAACT CAAGAGCGGC	3180
	AAGGTTACAA CCCCTTCTTA TCTACATTAC GACAGCAGGG TACCAACTAG ATGGACCACT	3240
	TGTTAATATG GTAGAAGCGG GAAGAGACAC CTTAGATCGA ATCATCGAAG ATGAAAGAAC	3300
45	TTTTTACTAT TTAGCTTCTC TCGATGATGA CGATGATATA AATGATTCGT CGAATTGGAT	3360
	TAAAGCAAAT CTAACCTAG GTGTTTCTAT CGATTTAGCT GAAATGAAAG AAGAGTGGGA	3420
	AAAGGCTAAG AGAACACCAG ATGAACGTGG AGATTTTATA ACCAAAAGGT TTAACATCTT	3480
50	TGCTAATAAT GATGAGATGA GTTTTATGTA TTATCCAACA CTTCAAAAAA ATAATGACAT	3540
	TATTTCTTGA GATGAGTTGG AAGGTAGACC ATGTACTATA GGTTATGATT TATCAGAAAC	3600

55



AACACATTCT TGGATTCCCTA AGCATAAAGT TGAATATTCT AACGAAAAGA TACCCTATAT 3720  
 AGAATGGGAA GAAGACGGAT TACTAACAAT ACAAGATAAT CCTTATATAG ACTACCAAGA 3780  
 5 TGTTTTAAAT TGGATAATAA AGATGAATGA GCATTATGTT GTCGAAAAAA TCACTTATGA 3840  
 TAGGGCGAAT GCTTTTAAAT TAAATCAAGA GTTAAAGAAT TATGGCTTTG AAACAGAAGA 3900  
 AACwAGACAA GGGGCTTTGA CCTTGAGCCC TGCaTTGAAG GATCTAAAAG AAATGTTTTT 3960  
 10 AGATGGGAAA ATAATATTTA ATAATAATCC TTTAATGAAA TGGTATATCA ATAATGTTCA 4020  
 GCTGAAACTA GACAGAAATG GGAAGTGGCT GCCATCTAAA CAAAGCAGAT ATCGTAAAAT 4080  
 15 AGATGGTTTT GCAGCATTTT TAAACACATA TACAGATATT ATGAATAAAG TTGTTTCTGA 4140  
 CAAGGGTGAA GGAAACATAG mATTTATTAG TATTArAGAT ATAATGCGTT AAGGAGGTGA 4200  
 ATGTTATCGC AAAAGAGAAT ATTGTCACAC GCATAAGAA AAAATTGATA GACAATTGGA 4260  
 20 TTGaTCAGTC AGCTTCTAAG CTTTATGACT TTAGCCCATG GAAAAATAAA TCTTTTTGGG 4320  
 GTGTAATCAA TAATACGCTT GAACTAATG AAACGATATT TTCAGCTATT ACnAAGTTAT 4380  
 CTAATTCGAT GGCTAGTTTG CCCTTGAAAA TGTATGAAGA TTATAAAGTA GTTAATACAG 4440  
 25 AAGTATCTGA TThACTTACA GTGTCACCGA ATAATTCTCT GAGCAGTTTT GATTTTATTA 4500  
 ATCAAATTGA AACAATCAGA AATGAAAAAG GTAATGCATA TGTG 4544

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 518:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 881 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 518:

40 CATGGCAGAA TATTGAAGCT GTAAAAAAG GACATGTAAT TTCATATAAA GCAGAAGATT 60  
 ATTGGTTCAC AGATCCTATT ACATTAGAAC ATTTGAGAAG TAAATTAAAA AAAGAAATTT 120  
 TAAATAAAAA ATAATAGAAA TAAGTTGTAA AAATTTTCTT ATGCATTGGT ACTAATGTTT 180  
 45 TTAAGGAGTG ATTAAATGAA GCAACTGGTT GGAATCCCG AATCAATGTT AATTCCTTTG 240  
 ATAGCTCGAG CAAAAGAGTA CGAAAACGAA AAACCAATAA TAAAAGACGC ACTATCAAAA 300  
 AAAATATTTG ATGGTTTAGA TGATATGTAC AAAAATGTTA CATGTGATGA CATGTCTCAA 360  
 50 ATTGGAATTA GTATACGTAC TGTGATAATA GATTGTGTTA CTAAGAGGCT TATCAAGGAT 420  
 AATAAAGATT TAATCGTGGT CAATATAGGT TGTGGCTTAG ATACAAGGTT TCAAAGATTT 480

ACATTTTTTA AAGAAAGTAA TAGTTATAAG ATGATATCTA AATCTATGCT AGATTACAGT 600  
 TGGATTGATG ATGTCAAAAA TTATAAATTT TTTAATAGTA AGTCAGATAT ATTGTTTATT 660  
 5 ATTGAAGGTG TATTGatGTA TTTTGATGAG AGTGTAAATGA CTCAATTATT GGACACTATT 720  
 ATCAAAAAGA TGGGAGATCA TAATTTGACA TTTGCGATTg AATTTTGCTC aAAAAACAATT 780  
 GCGAATAATA CmaAGAGACA TCAATCGGTA TCCAAGTTAT CCTCACCACC TGTTTTTTAAA 840  
 10 TATGGGTACC ATGATTTAnA AAAATTGGAT GAnATTTACC C 881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 519:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3122 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 519:

TGAATaAAAA TATATTAATA GATAAACACA AATGTGTcCA AATACCCTTA GAGGTATTTG 60  
 25 ACnAGTTCCA TCCAAGTGT TAAATATCCC CTACAGGTAT TTTTAGGGAG GTTATTATGA 120  
 AACAATACGG AGAAAaGTTT ATCGATGAAT TTAGTAAAGC AGAATTGGAA AACTAGCCA 180  
 AGCAAGGGCA ATTAATTGAC GTTAGAACAG AAGAGGAGTA TGCATTAGGA CATATCAATG 240  
 30 GTTCCATACT TCATCCTGTT GATGAGATTG AGTCATTCAA TAAAGAAAAA AATAAACCT 300  
 ATTATGTAAT CTGTAGAAGT GGTAACAGAA GTGCTAATGC TAGTAAATAT TTAGCTAAAC 360  
 AAGGTTATAA CGTTATAAAT CTTGATGGTG GTTATAAAGC TTATGAAGAA GAAAACGATA 420  
 35 GTTATGATAC ACAAGAAGAA TATAAAAGTA TAGAAATTAA AGCAGATCGT AAACAATTTA 480  
 ACTATCGTGG TCTTCAATGT CCAGGGCCAA TTGTAAAAAT TAGTCAAGAA ATGAAGAATA 540  
 40 TTGAAGTAGG TGACCAAATT GAAGTCAAAG TCACAGACCC TGGATTCCCT AGTGACATTA 600  
 AAAGTTGGGT GAAACAAACA AGGCATACTT TAGTTAAGCT TGATGAAAAT AACATGGAA 660  
 TTAATGCGAT TATTCAAAAA GAAAAAGCAA AAGATTTAGA TATAAATTAT TCTGCTAAAG 720  
 45 GTACTACAAT TGTATTATTT AGTGGAGAAT TAGACAAAGC TGTAGCAGCG TTGATTATTG 780  
 CAAATGGTGC TAGAGCTGCT GGAAAAGATG TAACTATCTT CTTTACTTTT TGGGGGCTTA 840  
 ATGCATTAAA AAAAGTGCAA ACAGTTAATG TTAAAAAGCA AGGTATTGCA AAAATGTTTG 900  
 50 ATTTAATGTT GCCCAAAAAG AATATACGAA TGCCTCTTTC CAAAATGAAT ATGTTTGTTT 960  
 TAGGAAATAT GATGATGCGC TACGTAATGA AAAAGAAAAA TGTTGATTCA TTACCAACAC 1020

## EP 0 786 519 A2

	TCATGGGTAT TCAGAAAGAA GAACTTAGAG ATGAAGTTGA GTACGGTGGT GTAGGCACTT	1140
	ATATTGGTGC TACTGAAAAAT GCGAATCATA ATTTATTTAT CTAATTAAAT CTATTAATAA	1200
5	AAGGAGTTGT TATCATGTTT TTTAAACAGT TTTACGATAA TCATTTATCT CAAGCATCAT	1260
	ATTTAGTGGG TTGTCAACGT ACAGGAGAGG CAATAATAAT AGACCCTGTT CGTGATTTAT	1320
10	CGAAATATAT AGAAGTTGCA GATTCTGAAG GTTTAACAAT TACACAAGCT ACAGAAACAC	1380
	ATATTCATGC TGATTTTGCT TCAGGAATTC GTGATGTGGC TAAACGCTTA AATGCAAATA	1440
	TATATGTGTC TGGCGAAGGT GAAGATGCAT TAGGGTATAA AAATATGCCA TCAAAAACAC	1500
15	AATTTGTTAA ACATGGAGAT ATCATTCAAG TAGGCAATGT TAAATTAGAA GTTCTGCATA	1560
	CTCCAGGACA CACGCCTGAA AGTATTAGCT TTTTACTCAC TGATTTAGGT GGTGGTTCAA	1620
	GTGTTCCGAT GGGATTATTT AGTGGTGA CT TATTTTGT TGGTGATATA GGTAGACCTG	1680
20	ATTTAaTAGA AAAATCTGTT CaAATAAAgG GTTCTACAGA AATTAGCGCG AAACAAATGT	1740
	ATGAGTCCGT TCAAAATATT AAAAATTTAC CAGACTATGT TCAAATCTGG CCGGGTCATG	1800
	GTGCTGGAAG CCCTTGTTGGT AAAGCATTAG GTGCCATACC TATATCTACA ATAGGTTATG	1860
25	AGAAAATTAA TAACTGGGCA TTTAATGAAA TTGATGAGAC TAAATTTATT GAATCATTAA	1920
	CATCAAATCA ACCAGCACCA CCGCATCATT TTGCACAAAT GAAACAAGTT AATCAGTTTG	1980
30	GTATGAATTT ATATCAATCA TATGATGTTT ATCCTAGTTT AGATAATAAG AGAGTAGCAT	2040
	TTGATCTTCG TAGCAAAGAG GCCTTTCACG GTGGCCACAC AAAAGGAACA ATCAATATAC	2100
	CATACAACAA AAACCTTTATT AATCAAATTG GTTGGTACTT AGATTTTGAA AAAGATATAG	2160
35	ATGTAATTGG AGATAAATCT ACTGTTGAGA AAGCGAAACA CACTTTACAA TTAATTGGGT	2220
	TTGATAAGGT AGCAGGCTAT CGTTTGCCAA AATCAGGCAT TTCAACCCAG TCCGTTTATA	2280
	GCGCTGATAT GACAGGTAAA GAAGAACATG TATTAGACGT ACGTAATGAT GAAGAGTGGA	2340
40	ATAATGGACA CTTAGATCAA GCAGTTAATA TTCCGCATGG TAAATTATTA AATGAAAATA	2400
	TTCTTTTAA TAAAGAGGAT AAAATATATG TACATTGTCA GTCAGGTGTT AGAAGTTCAA	2460
	TTGCAGTGGG TATATTGGAA AGCAAAGGTT TTGAAAATGT GGTGAATATT AGAGAAGGCT	2520
45	ATCAAGATTT TCCAGAATCA TTAAAATAAT TTAAGGATGT GGAAAAAATG AATAAGCATT	2580
	ATCAAATTGT TATTATTGGT GGCGGTACAG CAGGTGTTAC CGTAGCATCA AGACTATTAA	2640
50	GAAAAAATCA AAACCTTAAAA GAGAAAATAG CAATTATAGA TCCAGCAGAC CATCATTACT	2700
	ATCAACCATT ATGGACGTTG GTTGGTGCAG GGGTATCTAG TTTGAAAAGT TCTCGTAAAG	2760
	ATATGGAAAG TGTATACCT GAAGGTGCTA ACTGGATAAA ACAGGCTGTT TCAAGTTTTT	2820

55

TAGTAGCTCC AGGATTACAG ATTAATTGGT CTTCAATTAA AGGACTAAAA GAAAATATAG 2940  
 GTAAAAATGG TGTTCGCTCT AACTATTCAC CTGACTATGT TAACgAAACT TGGAACCAAA 3000  
 5 TTTCTAATTT TAAACAAGGA AATGCCATTT TTACGCATCC AAACACTCCT ATAAAGTGTG 3060  
 GAGGTGCgCC TATGAAAATT ATGTATTTAG CTGAAGATTA TTTTAGGAAA CATAAAATCC 3120  
 GT 3122

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 520:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3982 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 520:

ATAnAGATAT AnATnAATAT ATTGAGGTCA AACGATGATA ATTAAAATTT TAACAATTCT 60  
 ATTACTACTT TGTATATTGA GCTATTTGGT TACAAATAGA AAGAAGCCTT TTCTGTTCTT 120  
 25 AAAGACACTC TTTATGGGTG TGGTATTTAT CTTTATAGGA TATATTCAC TGGCAATATC 180  
 TGCCGTAATT ATTTATGGTA TTATTCAATT TATCACAATT GATTTTGGTA GTTTTTTCTT 240  
 AATGGGTATT ATATTGATCT TGATTTCAAG TATATTCCAA TTATTTATAG TTAGATTACT 300  
 30 TTTTAGAAAA AAGAATGTCG ATTTGACAGA GGTGTGCGTT TTAsAscATT TAATTCAATG 360  
 GTTCTTAGTT TACTTTGCGA TCTATCAAGC AGTAAATGAA AAAATGGACA TTAATGATAT 420  
 TAATATCGAC AATTTCCAAT CTGTCITTTT TGACGTGTCT AATTTGAATT TAGTAATTCT 480  
 35 ACCAACGTTA ATCATTAGCT GGGTCACAAT ATTTAACTAT AGAATGAGAA GTTACAAATA 540  
 AAATCTATGA GATTATACCT TCAGACACCA ACATTCAAAT GGTGTCITTT TTGTTGTGTG 600  
 40 GTTTTATTTT TGAAATTCGA AAAAGTAGAG GCATGAATTT TTGACTAGT GTATAAGTGC 660  
 TGATGAGTCA CAAGATAGAT AGCTATATTT TGTCTATATT ATAAAGTGTT TATAGTTAAT 720  
 TAATAATTAG TTAATTTCAA AAGTTGTATA AATAGGATAA CTTAATAAAT GTAAGATAAT 780  
 45 AATTTGGAGG ATAATTAACA TGAAAAATAA ATTGATAGCA AAATCTTTAT TAACATTAGC 840  
 GGCAATAGGT ATTACTACAA CTACAATTGC GTCAACAGCA GATGCGAGCG AAGGATACGG 900  
 TCCAAGAGAA AAGAAACCAG TGAGTATTAA TCACAATATC GTAGAGTACA ATGATGGTAC 960  
 50 TTTTAAATAT CAATCTAGAC CAAATTTTAA CTCAACACCT AAATATATTA AATTCAAACA 1020  
 TGACTATAAT ATTTTAGAAT TTAACGATGG TACATTGCGA TATGGTGAC GTCCACAATT 1080

	TCAAAATCTT GTGAGAGAAT TTGAAAAAAC ACATACTGTC AGTGCACACA GAAAAGCACA	1200
	AAAGGCAGTC AACTTAGTTT CGTTTGAATA CAAAGTGAAG AAAATGGTCT TACAAGAGCG	1260
5	AATGATAAT GTATTAAAAC AAGGATTAGT TAAATAAAC TTCAATCGTT GCTGTTATCT	1320
	GGAAATAATT AATTAAATGT TATGTTAATT TTTGTTAATG AAAAAAGTAA TCTATTTAAT	1380
	GACAGGTTAA TGTAATTGTC CTGAAATTGA CTATATACTC AGTAAGTATC AATTTTAAGG	1440
10	AGAGCTTATA ATGAAATTTA AAAAATATAT ATTAACAGG <sub>a</sub> ACATTAGCAT TACTTTTATC	1500
	ATCAACTGGG ATAGCAACTA TAGAAGGGAA TAAAGCAGAT GCAAGTAGTC TGGACAAATA	1560
	TTTAACTGA <sub>a</sub> aGTCAGTTTC ATGATAAACG CATAGCAGAA GAATTAAGAA CTTTACTTAA	1620
15	CAAATCGAAT GTATATGCAT TAGCTGCAGG AAGCTTAAAT CCATATTATA AACGTACGAT	1680
	TATGATGAAT GAATATAGAG CTAAAGCGGC ACTTAAGAAA AATGATTTTCG TATCAATGGC	1740
20	TGATGCTAAA GTTGCAATTAG AAAAAATATA CAAAGAAATT GATGAAATTA TAAATAGATA	1800
	ATAAATAAAA CAGGTTGAGA CAAAAATGG TCTTAACCTG TTTTCAATTT GCATATGTGA	1860
	TAAATTCTAT ATCAAAATGC TTATGTATAA TGAATGACAT TTAAAGTAG GGGAGACAAA	1920
25	TATAAATACA ATAGTTCCTA GGATTACTCT CAAAATAACT ATATCAATTA TTTACTTTGC	1980
	TCTCCTATTT TTTAAAATAT GTACATGTTT AAACAATCAA AAGTGACAA TATTAAATTA	2040
	TCATTTCCAG TTCTAGTGCT ATATTGGTAG TAGTTGACTA AATGAAAATA AGCTTATAAC	2100
30	AAGTTTTTTC AATACTCGTG GGGCCACAAC AGAGAGAAAT AGGATCACCA ATTCCAACAG	2160
	ACAATGCAAG TTGGCGGGGC CCCAACATAG AGAAATTGGA TCACCAATTT CAACAGACAA	2220
	TGCAAGTTGG GGTGGGGCCC AACACAGAAG CTGGCGAAAA GTCAGCATAC AAAAATGTGC	2280
35	AAGTTGGCGG GGCCACAACA GAGAGAAATA GGATCACCAA TTCCAACAAA CAATGCAAGT	2340
	TGGCGGGGGC CCCAACATAG AAGCTGGCGA AAAGTCAGCT TACAAAAATG TGCAAGTTGG	2400
40	CGGGGCCCCA ACATAGAGAA ATTGGAACCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTA	2460
	GGACATCGAT AAAGAAATAC TTTTCTTTA GCAATTAGTA TTTCTTATGC ATGAGCTTTA	2520
	CTCATGTATT CATTTTTTAA GTACaCATTa GCTACAGCTA ATGATAAAGA ACCACTACAT	2580
45	AATAAATCAT TAGTGGTTCT TTATCATTTT TATCTCACTC TTTTACTGGA AGAAAAAGTT	2640
	TACGTTTGTA GAACATGCCA CAATACCAA AATAATTAAG AAAAATAAGA CGATAAGCAT	2700
	GATGACACTT TTCAAACAAC CTCTATCAGT TTCTTTCGAT TTTCTTTGTT GAACCTTTTT	2760
50	ATAATCTTCA AGTAGTTTTG CGGCTTTTTT ATTTATATGT TTATTCATGA TGTTGACTCC	2820
	TTATAATATA TGTTTAATTC ATTAAAAATAG TTGAAAACAT GACTTGAAAT AAAGATATAA	2880

55

EP 0 786 519 A2

	AAATTGATGA TGATATTTGC TTTTATTTT CCAAATGGAA TTTACTTAAA CTGATGCATT	3000
	AAAAATATTAA TGAAGCACTA GAATACATAA ATGAATAGTa ATGGTGcACA GTATAGAATA	3060
5	ATTAAGGCTA TATTAAGTAT AAATATCGTT AACTGTAAGC TATCTTTAGT TTTAATATAA	3120
	ACTATTAGGA TAATCGACGT AAGAAGAATC ATATATATTA ATGATGAAGA AGTCCATACA	3180
	AAATCCGCAT CATTTGTTGT TAATAATGGG ACTATAATTA ATCCGAAATT AATCATGCAT	3240
10	GCTATATATA CTATAATGTT ATACACAATG TTAATTTTTG TTCACCACCT TATACTTCTA	3300
	TTTTAAAAAC TTCTTTATAA TGATATATTG TTTAATGTTG AAATAATTAG ATTATCTAAT	3360
	TTTCATTTGC TTTACATGTA AAAGGCTATA TATAGTATGC TCTTTATGAT TCTAAATGCT	3420
15	TTTTAATATT TAATGCTCAT CAACATTTGG ATTTTGAATA TTCAATTCAA AAACTTTATT	3480
	AGCTACGTCA ATTGTAAAAT CAGAACCATA GTTGACATGA GCTACTTTTA ATTTTCCATC	3540
20	TAAATAATAG ATTGCGATTG CAACATCGTA AAATTCGTCA ATGACAAATA AACTCTTTTC	3600
	GTTTGTTACA ACCTCATGCT CTCCTGAGTA TACAACGTTA ATTTCCCAAT CATTAAAAAC	3660
	CATTTGTTAA CCTCCTTGAA CATTTAAATT GATTCAACTT AAGTTTAACT TATTCATACA	3720
25	ACTTCGTACA ATATCTAGAT GAACATTAAT TGTATTTCTA GAAATCTTTT TCAATTATAT	3780
	GTACTAATTA TACTTTTAAA TTTCTTATTT CAGTATAGTT TTAAAACGAT TTTAAAATAA	3840
	TTCTGCAAAT ATATTAACAC ATAATGTGTT CAAAAGTTT TGAACAATTT CAAAACTTTT	3900
30	ATATAAAGGG nTTGACAACA TGGATTCAAA TnTCTTATTT TAAAAATTAC CTCATATAGT	3960
	GTCATGTTAG CCAATTTTTTA AG	3982

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 521:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1353 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
40	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 521:

45	AGCTTGgaTG ATTTAATaTG GtCcctTTCCC AaCcTTAGAT AATGAAAGAT tTGATAATCC	60
	TGAATATAAA GAAGCTATGA AAAAATATcA ACAGAGATTT ATGGCTGmAG ATGAGGCTTT	120
	GAAGAAATTT TTTAGTGAAG AGAAAAAAT aAAAAATGGA AATACTGATA ATTTAGATTA	180
50	TCTAGGATTA TCTCATGAAA GATATGAAAG TGTATTTAAT ACTTTGAAAA AACAAAGTGA	240
	GGAGTTCTTA AAAGAAATTG AAGATATAAA AAAAGATAAC CCTGAATTGA AAGACTTTAA	300

55

GTTAGGTAAA ACATTTTATC AAAACTATAG AGATGATGTT GAAAGTTTAT ATAGTAAGTT 420  
 AGATTTAATT ATGGGATATA AAGATGAAGA AAGAGCAAAT AAAAAAGCAG TTAACAAAAG 480  
 5 GATGTTAGAA AATAAAAAAG AAGACTTAGA AACCATAATT GATGAATTTT TTAGTGATAT 540  
 AGATAAACA AGACCTAATA ATATTCCTGT TTTAGAAGAT GAAAAACAAG AAGAGAAAAA 600  
 TCATAAAAT ATGGCTCAAT TAAAATCTGA CACTGAAGCA GCAAAAAGTG ATGAATCAAA 660  
 10 AAGAAGCAAG AGAAGTAAAA GAAGTTTAAA TACTCAAAAT CACAAACCTG CATCTCAAGA 720  
 AGTTTCTGAA CAACAAAAG CTGAATATGA TAAAAGAGCA GAAGAAAGAA AAGCGAGATT 780  
 TTTGGATAAT CAAAAAATTA AGAAAACACC TGTAGTGTCA TTAGAATATG ATTTTGAGCA 840  
 15 TAAACAACGT ATTGACAACG AAAACGACAA GAACTTGTG GTTCTGCAC CAACAAAGAA 900  
 ACCAACATCA CCGACTACAT ATACTGAAAC AACGACACAG GTACCAATGC CTACAGTTGA 960  
 20 GCGTCAAACCT CAGCAACAAA TTATTTATAA TGCACCAAAA CAATTGGCTG GATTAAATGG 1020  
 TGAAAGTCAT GATTTTCACAA CAACGCATCA ATCACCACAA ACTTCAAATC ACACGCATAA 1080  
 TAATGTTGTT GAATTTGAAG AAACGTCTGC TTTACCTGGT AGAAAATCAG GATCACTGGT 1140  
 25 TGGTATAAGT CAAATTGATT CTCTCATCT AACTGAACGT GAGAAGCGTG TAATTAAGCG 1200  
 TGAACACGTT AGAGAAGCTC AAAAGTTAGT TGATAATTAT AAAGATACAC ATAGTTATAA 1260  
 AGACCGAATA AATGCACAAC AAAAAGTAAA TACTTTAAGT GAAGGTCATC AAAAACGTTT 1320  
 30 TAATAAACAA ATCAATAAAG TATATAATGG GCA 1353

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 522:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1987 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 522:

GTCTGAGTCA GGTGCTGTTT GGTTAGATGC TGAAAAACA AGTCCTTATG AATTTTATCA 60  
 45 ATTCTGGATT AATCAATCAG ACGAAGATGT AATTAAATTC TTAAATACT TTACTTTCTT 120  
 AGGAAAAGAA GAAATTGATC GCTTAGAACA ATCTAAAAAT GAAGCACCGC ATTTACGTGA 180  
 AGCTCAAAAA ACATTAGCTG AAGAAGTAAC TAAATTTATT CATGGTGAAG ATGCATTAAA 240  
 50 TGATGCAATC CGTATTTTAC AAGCATTATT TAGTGGTGAT TTAAATCAT TATCAGCGAA 300  
 AGAATTAAAA GATGGATTTA AAGATGTGCC TCAAGTGACA TTATCAAATG ACACAACAAA 360

	TGTTAACAAT GGTGCGATTT ATATTAATGG TGAGAGACAA CAAGATGTTA ATTATGCTTT	480
	AGCACCAGAA GATAAAATTG ATGGCGAATT TACGATTATT CGTCGCGGTA AGAAAAAATA	540
5	CTTCATGGTT AACTATCAAT AAATATAATT GCATAGCTAA ATAAATTAGA GCCTACTCAT	600
	ATTCAATTCCT AAGAATGTAA TGAGTAGGCT CTTAATGTAC TTTTCTGTCT GTAAATTATC	660
	TAAAGAAATC TCTATCGCCT TGGCCAGGTG ATTGACGTTT TGATCGGCTT TGACGTTTTG	720
10	GTTGTTCTTT TTGTTGTTTT AATTTCACTT TAACCTCTTT TGTTTTACCA TCACGGATAA	780
	CGGTAACAGT GACTGATTCA CCAGGTTTTT TATTTTCATA TAAATAGCTT CTTAAATCAA	840
	CATCATCTTT AATTTTCTTG CCATCAATTT CTGTAATAAT ATCACCTTTT TTAAGATCAA	900
15	TATCACTATC AGCTTTGGCG ACATAAATAC CGTCTTCTCT ATCAGTATGA AGTTGCTCGC	960
	GCTCTTCTTC AGGAATATCT TTCAAATTAA TTAAACCAAT ACCAATCGAA GGGCGGTCAA	1020
20	TTTTACCATG TTTTACAAGT TGTTCAATTG TTACTTTAAC TTCATTACTT GGAATAGCAA	1080
	ACCCGATACC TTCAACTTGT GTCGCAGCAA TTTTCATTGA GTTAATACCA ACTAAATTAC	1140
	CATTAATATC TACTAATGCG CCACCTGAGT TACCTGGGTT AATAGCAGCA TCTGTTTGAA	1200
25	GAACGCTAAC TTTTGTATTG CCACCAGTTG TCTCAGCGTC AATCGTACGT TCGCTTGCTG	1260
	AAATGATACC AGATGTTACA GAGTTAGCAA ATTGTAATCC TAATGGGTTA CCCATTGCGA	1320
	ATACGCTATC GCCAGTTTGT ACTTTTGAAG AGTTGGCAAA TTGAATCGCT TTAATACCTT	1380
30	TTGTATTTTC AATTTTAAGT ACAGCAATAT CAGTTACTGc ATCTTTACCA ACTAATTTG	1440
	CTTTAACTTG TTTTTATTA TGTAATTGga CTCTAATTTT ATTTGCGCCA TCAATAACAT	1500
	GATTGTTTGT AACGATATAA GCTGAATTGT TGTTTATTTG aTAGATAACA CCTGAACCTA	1560
35	CTCCAGCTTC AGATGGTTTA GATGATTTGC CyTTTAAATAA GTCGTCTACA CTTGATGCTT	1620
	TTtGCATGk AATAACTCCA ACAATTGTAG GGGAGACAGA TTTTATCATT TCATGAACGG	1680
	TACCGAATTT CTGCTTTGA CCGTCTAATT GATTGCCACC TTTATTATTT GTTGTCTGAA	1740
40	CAGTTGAACC ATCTTTATTT AAAATTGTAC TATTTAATAC TTTGCCTATA CCAAGTACTA	1800
	GAAGTGCACC AATAATTCCA GCAATCAATG CAACGATGAC TGTnTTAAAC CATGGAAATT	1860
45	TAGGTCTTCT GTATCTAGGT GTTTGGCTAT GGTnTGTGT AGAATGATCT GTATGATTAA	1920
	AATCTGACAT ACTTAACCTC CATTATATGA TTTATATATG CTTTAATTAT GTCTTTTnTT	1980
	TATAATT	1987

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 523:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1351 base pairs

55



(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 523:

	TTAGAAGTCA AATCATTAnT GGCGTCnTAT CGAGTATACT ATTAACTTCA ACTATTTTtag	60
10	CAATTGCATA TATTTTAATG TGGTTTAACG GCCATATGAC aCTAACTTTG ACCTTAACGA	120
	CAATAATTAC AAGCTGTTTA ACCTTATTAA TATGTAGTAT TTTTATTAAT CCACTTATAC	180
	AAAAAATTAA GCAGTTTAAAT ATAAAAACTA AGCAATTTGC TAACGGAAAT TACGCAAGCA	240
15	ATGATAAAAC GTTTAATTCA CCAAAGAAA TTTATGAATT AAATCAATCT TTTAATAAAA	300
	TGGCTTCTGA AATTACGCAA CAAATGAATC AAATTAAATC CGAACAACAA GAAAAACAG	360
	AACTGATTCA AAACCTAGCC CATGATTTAA AAACACCTTT AGCAAGCATT ATTTTCATATT	420
20	CTGAAGGACT ACGTGATGGT ATAATCACTA AGGATCATGA GATTAAAGAG TCATACGACA	480
	TATTAATTAA ACAAGCAAAC AGATTATCAA CATTATTTGA TGATATGACT CATATTATCA	540
	CTTTAAATAC AGGTAAAACA TATCCCCCAG AATTAATACA ACTAGACCAA TTAGTTGTAT	600
25	CAATATTGCA ACCATATGAG CAACGTATCA AACATGAAAA CCGCACATTA GAAGTGAATT	660
	TCTGTAACGA AATTGATGCA TTTTATCAAT ATCGAACGCC ACTTGAGCGT ATTTTAACAA	720
	ACTTACTTGA TAATGCGCTA AAATTTTCAA ATGTTGGTAG TCGCATTGAT ATTAATATTA	780
30	GTGAAAACGA AGATCAAGAT ACTATCGACA TTGCTATTAG CGATGAAGGT ATTGGCATTa	840
	TACCAGAACT ACAAGAACGT ATATTCGAAC GTACATTCAG AGTAGAAAAC TCTCGTAATA	900
	CAAAAACGGG TGGTTCTGGA TTAGGCTTAT ATATAGCTAA TGAACCTCGC CAACAAAATA	960
35	ACGCAAAAAT CAGTGTAAGC AGTGATATAG ATGTAGGAAC TACGATGACT GTAACATTAC	1020
	ACAAATTAGA CATTACGTCA TAATCCGATT TATTTATAAA ATAAAATGCA AAGACTAAAA	1080
40	AGAAGCTCCC ATTAATGAGG GCTTCTTTTT TTGTTTATTT AGAATAAACT TTATGGGTAT	1140
	CCTTCTCATC ATTTTCAAGA CTTGAAAGAT TTGTAGCTTG AATAATATAT TTAGGACGTG	1200
	CCTTAAC TTC ATAATATATC CTGCCAATAT ATTCACCTAC AACACCAATT GAAATTAAC	1260
45	GTATGCCGCC TAATAATAAA ATAGCTGCAA TCGTTGAAAA ATATCCCGGA ATATTAACAC	1320
	CAGATATCAT AATATTGATG GAATAAATAG A	1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 524:

50

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 433 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 524:

5 TTGTTGTCAG TTTAACGCAA CGTGTTACCG ACTTTTCAAG TACACAACAA TATATATGTC 60  
 TATTCCATTT TTAGCCCCcTG CCATTTTCAT CATTGGTGGT ATTATGTTGT TTATTTCAAC 120  
 ATTTAATAGC TTAGATGAAA CTGCTGAAAA TAATAACAAA ATAAAGAAAC TAATGATTAA 180  
 10 AGGACTTATC ATTATTAACA TTTCATTTAT CGTTATGATG GTTTTAACAC CATATTGGTA 240  
 CTTGTATTTA ATCGTCTATC TTATTTTCTT GTTGTTTTFA TTGTGGCAAA AGGTTTATAA 300  
 ATTTTAATAC CAAACTATT AAACACTTCT GATATTCTTA GTTCAAATA TCAGAAGTGT 360  
 15 TTTATAGTGT TATCTAGTTC AGATAAATAT TTCCTTACTT AAAAAACGC CCTCCTCTTA 420  
 TTTTGACCCC nAT 433

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 525:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1845 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 525:

30 CCCCCACTAT GATATGCTTG GCCTATTGCG TCAATCCCCT TATATTTCGG CAATAGAGAT 60  
 GGATGTATAT TCAATATTTT ACCTTCAAAT GAAGCTAATA AGTCTGGACC AATTAGACGC 120  
 ATGTAGCCAG CTAGAATAAT CCACTCTACC TTATCTTCAT TTAATAATGT TACTAAATGT 180  
 35 TGTTCATACG CTGCTTTTGA ATCAAATTGT TTTGGTTCAT TAATATAAAC AGGAATATCG 240  
 TGCTTTTTTG CTCTATCTAT ACAAACGCA TTTTGATGAT CCGTATATAG CGCCGTAAC 300  
 TCAATATTTT CAAGTTTTCC TGATTCAACA TGCTCAACTA TATTTkCAA GTTACTTCCT 360  
 40 GAACCTGATG CAAAAATCGC AATTTTAACC ATTGTTATAC CCCCAACAAT TCAATTGCAG 420  
 TTGACTCATT TTTCACAATA TGACCAATTT GATAGGCTTC CACATTTTGT TCTGCTAAAA 480  
 TCTTCAAAGC GCGTGATACA TCTTTTTTCAT CAACGATAAC CGTATAGCCA ATACCCATAT 540  
 45 TAAAAATGTT ATACATTTC A TTTGTGTCTA TATTGCCTTG TTGTTGTAAC CAATCAAATA 600  
 TTTTGGTGT TGGAATGAT GTAGTATCAA TTCTAGCAGC ATATCCGGCT GGCAATGCAC 660  
 GTGGAATATT TTCATAAAAA CCTCCACCAG TAATATGATT CATTGCCTTA ATAGAACTT 720  
 50 CTTTTTTCAA AGCAAGTACA GGTTTGACAT ATAATTAGT TGGTTCTAAA AAGACATCGA 780

55

EP 0 786 519 A2

5 GCACTAAACT GTATCCATTT GAATGAATGC CACTTGACGC AAGCCCTATA ACAACTTGTC 900  
 CCTCTTTTAC TTCTGAACCA TCTACATAGT CATCCTTTTC AACTGCTCCA ACAGCAAATC 960  
 CAGCTACATC ATATTGCGCT TCGTGATACA TTTCACCCAT TTCAGCAGTC TCTCCACCGA 1020  
 TAAGTGCAGT ATTCGTTTCA ACACATGCAT CACTAATACC TTAAACAATT TGTTCAATAA 1080  
 10 CTTCAGGAAC AACTTTGTTT GTAGCAATGT AATCTAAAA ATATAATGGT TCTGCACCTG 1140  
 TCGTTAAAA ATCATTAAACA CACATTGCGA CTGCATCGAT ACCTATCGAA TCATGTTTAC 1200  
 CATAGTCGAT AGCTAGTTTT AATTTGCTAC CTA CTCCGTC TGTTCCAGAA ACTAAACTG 1260  
 15 GCGCTGtCAT ATTAAATTGT GATAAATCAA ATGTAGCACC GAATCCACCT AAACCACCGA 1320  
 TAAC TTCTTT ACGCATCGTA CGtTTAAcaw GactAGaCaT TctTTctACA GCTTCATAAC 1380  
 CAGCATGAAT ATTACACCA GATTGTTTAT ATGCTTTAGA CATTAAATT TCCCTCGCTA 1440  
 20 TCAAAAAAGT GTTTGTTTTT AGAAATATAT TGCTTTTGTC GATGACTTAA ATGCGCTTTA 1500  
 TAATTTGCTT CATAATCATA TAACCCTGCA GGATAATCTC CAGTGAAACT TTCTACACAT 1560  
 AAGCCACTAT ATGGCGCGTC ATAATCTAAA CCAATTGATT CAATTAACCC ATCTACAGAT 1620  
 25 AGATATGCTA ATGAATCAGC GCCAATATAA TCTTTAATTT CTTCAGGTGA TTTGCTTGCA 1680  
 GAAATTAATT CTGCCGTAGT TGAAACATCG ATTCCGTAAA AACTTGGAAA CATAAATTCC 1740  
 GGTGATGCTA TACGCACATG CACTTtKATTT GCACCAGAAT CKTTTAACAT TTTCACAATG 1800  
 30 CGTCGAATTG TCGTACCGCG nACAATGGAA TCATCAACAA GACTG 1845

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 526:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1141 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 526:

TCATAAAATnG TAAATGTTAA TCGTCATATA ATATTAATTT ACAACACCAT TTTGGTTATT 60  
 TGAAGCTTGT GCGCGTTGTT GTGTGCCACC TTGATTTTGA TTTGAGTTTT GATCTGTAGC 120  
 45 AGGTTGTTGT TGATTGCTGG AmtCACTGTT ATTAGTTGAm TCACTGTTCT CGTTAGATGT 180  
 CTTATCTTTA TCTGTCGTAT CATTTTGTTT TTTTCTCAAT AACTATTAT CTAAAGGCGT 240  
 50 TAATGGTATT AATGAACCAT AATGATTAAT GACACGTTGA TCTAAGAAAT CATTTTTATC 300  
 ATTAATAGGT GATAATTCTA AGTCTTTACG AAGTAAGTTT GCATATTTTT GAATGCTTTC -360

55

AGTTTTAATT TCAACATCAT TTGTTaAGTA CATTTTTGCT AAAGCTTTAA TTTCAGAGTT 480  
 AGTTAAATTA TGCTTTGCAT TTTTACCTAC AATTTGAATC ACGTTATCAA GTTTATCAAT 540  
 5 AGAATCAACT TCCTGTGCTT TTTGGAATAA AATCTTAATT AATCCATTT GACGTTGTCC 600  
 ACGTTTTAAG TCTGAATCAT GATGTCTAGT TCTAGCAACT GCTAAAGCCT CATCACCATT 660  
 10 TAATTTTTGG TACCCPTTTT TAATTTTAAT CTTACCAGTA TCATCTGTGT TAGGTTTCATT 720  
 TAAGTCGIAT GGCACATCAT AGTATATGCC ACCAAGCTCA TTTACAGCCT CGACAAATGC 780  
 TTTCATATTG ACTCTCACAT AATAATCAAC AGGTACATTC ATGGTAGCTT CTACCGAATC 840  
 15 CATTGCGGCA ATTGGACCAC CATATGCATG TGCATGGGTA ATCTTATCGT AATAGCCAAC 900  
 TTTAGGAATG TAGCTGATAG TATCACGTGG AATACTAAGC ATTCTAATTT GATGTTTTGA 960  
 TTGATTAAAA GTAGTTAAAA TCATAGCGTC TGATCTAGAG TGTTCAGCAT CCTGTCCTTT 1020  
 20 TTTTCTTCTT CCATCGTTAT CATCGATACC TAAGAAAAGA ATAGAGATAG GTTGTTCTTC 1080  
 GGGATGACTT TATTATCTCT TAAGTTGGAT TGACGTTAGC ATTTTGTCTG TCTTGAGAAG 1140  
 A 1141

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 527:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1565 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 527:

GCACCATTAG CATTGGGcnc ACTGATTGGA GTAnCAGTTG TTGAAAATTC GGCGCCAACA 60  
 AGTAAACmGG CmCaGGCaGC mATAmCCCCa TATTATAcTT ATAATGGTTA TATTGGTAAT 120  
 40 AATGCTAATT TTATTCTGGA TAAGAATTTT ATTAACGCGA TTAAGTATGA TAATGTGAAA 180  
 TTCAATGGTA TTAAATTAGC TAAAACGAAT ACGATAAAAA AAGTAGAGAA ATATGATCAA 240  
 ACTTTTAAAG GTGTTTCTGC AAAAGGAAAC GAAGCAAGTC AATTGCAATT TGTAAGTTAA 300  
 45 AATAATATTT CATTAAAAGA TATCCAAAAA GCTTATGGCA AGGACTTGAA AAAAGAAAAT 360  
 GGTAACAA CAAGAACTGA TAGCGGTATT TTTTACTATC AAAATGCTAA AAAGACATTA 420  
 GGCATCTGGT TTGTCGTTGA TCATAATAGA GTTGTCGAAG TAACAGTTGG ACATACACCA 480  
 50 TACAAAACAA GTAAATAAAA TAATGGCATA TTAAGGCTAG AGTGTGAGGA GTGATACCGC 540  
 ATTCTAGTCT TTTTATTAA ATAATAACGA TTATGCGTC TTACATAGTT GTTTGAAATT 600

## EP 0 786 519 A2

GATTAAGTAT ATAGAGCACT ATTTTGTATT TGTTAATATT TTCACAAAA TAAAGCCTTG 720  
 ATAAATTTTA AAATATAATT AAGCTCAATT TTTAAAATTT TATTTAGCTA CAGATAACAT 780  
 5 TTTTAAAAAA GAAAAGAATC AATAAATAAA ATCAACGAAC AAAAAGTATA GAAATAAATA 840  
 GAAATAATCA TTTACTTTTC TGAAAAATTA AATTAATATT TTATTTATAA GCTGTTTTTA 900  
 AGATTTTCAGG AGGAATGAAA TGTGaGGAAA TTTTCAAGAT ATGCATTAC AAGTATGGCA 960  
 10 GCATTAACCT TGTGAGCAC TTTATCACCA GCAGCATTAG CGATTGATTC AAAAAATAAA 1020  
 CCAGCTAATT CTGATATTAA ATTTGAGGTG ACTCAAAAGA GTGATGCGGT CAAAGCATT 1080  
 AAAGAATTGC CTAAATCCGA AAATGTAAAA AATATTTATC AAGATTACGC TGTTACTGAT 1140  
 15 GTAAAACTG ATAAAAAGG ATTTACGCAT TATACATTGC AACCGAGTGT TGATGGTGT 1200  
 CATGCACCTG aCAAAGAAGT GAAAGTACAC GCAGACAAAT CAGGAAAAGT CGTTTTAATC 1260  
 20 AATGGGGATA CTGATGCGAA GAAAGTAAAG CCAACGAATA AAGTGACATT AAGTAAAGAT 1320  
 GACGCAGCCG ACAAAGCATT TAAAGCAGTT AAGATTGATA AGAATAAAGC GAAAAATCTT 1380  
 aAAGATAAAG TCATTAAAGA rAACAAAGTT GAAATCGATG GTGACAGTAA TAAATACGTT 1440  
 25 TATAATGTTG AGTTAATTAC AGTGACACCA GAAATTTAC ATTGGAAAGT TAAAATTGAT 1500  
 GCTCAAACCTG GCGAAATTTT AGAAAAATG AACTTAGTTA AAGAAGCTGC AGAAACTGGT 1560  
 AAAGG 1565

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 528:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2870 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 528:

GGATAGGTAA ATCCATTCAA AATTGGTTGT ACTCATTTTA AATCATATTT TTAAATATAG 60  
 AAACACATAA TTAAAGGAGT GATGATATTA ATGAATAAAC TTCGAGACAC TACTTTTCTA 120  
 45 TCATATTTAT TTACTATCAT ATTTGTTGGGA TCTGCATTTT CAATGATAAA GATTGCGTTA 180  
 AATGATTTTA GTGCAGAATC ATTTGTCGGCA TTTCGTTTAA TTTTAGCAAC AATAATTCTC 240  
 TTGCCGTTTC TAATTATAAA GAAATTGCCT ACCCCTGAAC TAAGAGATAT CCCTGTTATT 300  
 50 TTTATTTTAG GATTTTGTGG ATTTGTGATA TATCACACAG CTTTAAATTT TGGTGAAaCT 360  
 TTGATTAGTG CAGGTATAtC TGGrATTcyA GTCTCTACAA CGCCTATTTT TTCTAGTGCT 420

	GCATTTATAG GAATATCCAT TATTTCAATA AGTAAAGATG ATTACACAAC TATTAATGTA	540
	TTAGGTGTTT TTATTATTTT ACTTGCATCT TTTAGTGAAA GTTTGTATTT TACTTTCCAG	600
5	AAAAAATACA TAGAAAAATA CGGCTTCATC GCTTTCACAC TATaTACAAT AATGGCAAGC	660
	TCACCATTTA TGCTTATTTT TATTCCTGAA ATCATCAACG ATATACACGG CGCCACTTTT	720
10	ACATCAATAG TATCGGTACT TTATTTAGCT ATATTCCCTA CTATAATTCC ATACGTTTTG	780
	CTTGCTTATA TTGTGAAGTC AGTTGGTGTC TCTGATGCAA CAATGTCTCT TTATTTAACA	840
	CCTATCGTTT CTTTATTATT ATCTTATCTG TTATTAGACG AGCTACCAAC AACCCCTTGCT	900
15	ATTATAGGCG GAATTATCAC TCTACTAGGC GTTAGTTTAA GTAACCTCTT TCAAAATACA	960
	TAATTATTCC AAGTCCCGCA CCTCAGAATC CAAAAACATT CGAGTGATAA AATTTTAAAA	1020
	ATCAAAAATA TAAAAATGAT CTAATTTTCGT CAAATTTACC AATATAAATA CTAATATTTG	1080
20	CAATTCACAA AGGGGTATAG TCTGAGTGTA TTCTAATACG AAAGGACTTG GTGGATATGT	1140
	ATTACAGTTA TGGAAATTAT GAAGCATTTG CGCGCCCTAA AAAACCTGAA AATGTAGAAA	1200
	ACAAATCCGC TTACTTAATC GGATCTGGTC TAGCTTCACT TGCTGCAGCT TGTTTTTTAA	1260
25	TAAGGGATGG TCAAATGGAA GGTTCGAAGA TTCATATTTT AGAAGAGTTA CCTAAAGCAG	1320
	GTGGTAGTCT TGATGGTGAA AATATGCCTT TAAAAGGCTA TGTGTCCGC GGTGGTCGTG	1380
	AAATGGAGAA CCACTTTGAA TGTTTGTGGG ACTTATTCAG ATCTATCCCT TCATTAGAAA	1440
30	TCGATAACGC GTCTGTATTA GATGAGTTCT ATTGGCTAAA CAAAGAAGAC CCTAACTATT	1500
	CTCGCTGTCG TGTTATFGAG AAACAGGGTC AACGTTTAGT CACAGACGGA GACTTCACTT	1560
35	TGACTAAAC GGCATTAAA GAAATTTTAG ATTTATGCTT AACGAATGAA GAAGATTTAG	1620
	ATGATGTCAA AATAACAGAT GTATTTTCCG ATGACTTCTT TAATTCAAAC TTTTGGATTT	1680
	ACTGGAAAAC GATGTTTGCA TTTGAACCGT GGCATTCTGC AATGGAAATG CGTCGCTATC	1740
40	TAATGCGATT CGTTCATCAT ATTAGTGGTC TCGCAGACTT TTCAGCTTTA AAATTCATA	1800
	AATATAATCA ATATGAATCT TTAGTATTAC CTATGGTTGA ATATTTAAAA TCGCATGGGG	1860
	TTCAATTTGA ATACGATGTA AAAGTCGAAG ATATTAAAAT AGATGTTACG ACAAGTCAAA	1920
45	AAATTGCCCC AGAAATATTA ATTGACCGTA ATGGTAATGC AGAATCTATT AAAGTACTA	1980
	TAAACGATCT TGTCTTTGTG ACAAACGGTA GTATTACAGA AAGCTCTACT TATGGTGATA	2040
	ATGATACACC AGCGCCACCA ACTGACGAAT TAGGTGGTAG TTGGACACTA TGGAAAAATT	2100
50	TAGCGCGACA AAGTCCTGAA TTTGGTAATC CTGATAAGTT TTGCCAAAAT ATTCCTAAAA	2160
	AAAGTTGGTT TGTTTCAGCA ACTTCTACAA CAAACAATAA AGAGATTATC GATACAATAG	2220

55

## EP 0 786 519 A2

TCAATGATTC TGCATGGCAA ATGAGTTTTA CAATCAATCG TCAGCAACAG TTTAAAGACC 2340  
 AACCTGAAAA TGAAATATCT ACATGGATTT ATGCCTTATA TTCAGATGTA AACGGCGATT 2400  
 5 ATATTAAAAA GCCAATTACA GAATGTAGTG GTAATGAAAT ATGCCAAGAA TGGCTGTATC 2460  
 ACTTAGGTGT ATCAACTGAC AAAATTGAAG ACTTAGCAAA ACATGCATCT AATACGATTC 2520  
 CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC GACAGACCTT 2580  
 10 TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTTATTGG TAACTTTGCA GAAACAGAGC 2640  
 GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT GTTTATCAAT 2700  
 TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTGAT CTTGCGTCT 2760  
 15 TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTT GCGTGAGATT ACTAAAGATT 2820  
 CGAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT 2870

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 529:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3105 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 529:

30 CnGTTTAGCT GCAAAAAGTA AATAACGACA CTGTATTGG AATTTTGCAA TTAGAAACAC 60  
 TTTTGGGTGA CATTAACTCA ATTTTCAGCG AGATTGAAAG CGAATACAAA ATGTCTAGAG 120  
 AAGAAATTTT AATTTTACTA ACTTTATGGC AAAAAGGTTT TATGACGCTT AAAGAAATGG 180  
 35 ACAGATTTGT TGAAGTTAAA CCGTATAAGC GTACGAGAAC GTATAATAAT TTAGTTGAAT 240  
 TAGAATGGAT TTACAAAGAG CGTCCTGTTG ACGATGAAAG AACAGTTATT ATTCATTTCA 300  
 40 ATGAAAAGTT ACAACAAGAG AAAGTAGAGT TGTTGAATTT CATCAGTGAT GCGATTGCAA 360  
 GTAGAGCAAC AGCAATGCAA AATAGTTTAA ACGCAATTAT TGCTGTGTAA GTTTAATAGC 420  
 ATAAAAAGAG GTTTTCATTA AGTTGAAAAC CTCTTTTGT TGTTGGCATT AATTTTCAA 480  
 45 ATGTTGACTA CTCAATCCTA AATTATAAAT AGTATAGCGC aCAAaTGCTT AAGAAATTTT 540  
 TTCTATGGCA CAAATGAATG GAGCATGATT ACGTTGGTTT AAAAATTGAT ATTGCAAAAC 600  
 TTGCGCATGC TTTTGATCCA AAGTACTCAA GTAATCAAGC AATGCATGCT TCTCAATTTG 660  
 50 TCCTTCGCTA TGACCATGAT ATATAACAAG TACAATAATA CCTTCAATTG ACATTAATGA 720  
 TAGCAATGAA TTAATAGCTT GGATTGTCGT GTCAGGCTTT GTCACGATAG ATTTATCACC 780

55

## EP 0 786 519 A2

	TATATGATGT	TCAATATTTT	CATGTCCATC	TTTTATTAAA	GAAACATGAT	TGAAATCCTT	900
	AACTTTATCA	CGTGTATTTT	CCAAAGCTAA	ATCTTGAATG	TCGAAACCAT	AAACATGTCC	960
5	TTCTGGTACT	TGTTCCGGCTA	AAAATAAAGT	GTCATTGCCG	TTACCGCAAG	TTGCGTCTAC	1020
	AACAATACTT	TCTGGTGTTA	TATGTTGTTT	AATAAGTGTT	TTTGAAAAAG	GGAGTATACG	1080
	TTCTAATTTC	ATTGCTTCAC	CTTAGACTTG	TAACGCAAGC	CTTGATAAGA	ATTTCTACGT	1140
10	GCTAATTCAG	CATCGATGCC	ATTTAATACT	TCCCATTITAT	TAACACTCCA	CATTGGACCT	1200
	ACCATGATAT	CTATTGGACC	ATCACCGGTA	ATTCGGTGAA	CGATCATTTT	AGGGGGAATC	1260
15	ACTTCTAATT	GGTCCACAAC	TAGGTTTGTT	TACTCTTCTT	GAGTCATAAA	AGTTAATAAA	1320
	CCTTTATCGT	ATTGTTTTAC	CATCGGTGTA	CCTTTTAAAC	AATGAAGTAA	ATGAATTTTA	1380
	ATACCTTGTA	CATCCATTTG	TGCACTTCTT	TGGCAGTAGC	CATCATCATG	TCATAGTCTT	1440
20	CGCCAGGTAA	GCCATTAATG	ATGTGTGTAC	ATACATTGAT	ATTATGCTTA	CGTAATTTTG	1500
	CCACACCATC	ATAATAAGTT	TTCATATCAT	GGGCACGATT	GATTAAATCA	GATGTTGACT	1560
	GATGGATTGT	TTGTAGTCCT	AATTCAACCC	ATAAGTATGT	TCGTTGATTG	AAATCTGCTA	1620
25	AATATTCGAC	AACATCGTCT	GGTAGACAGT	CAGGACGCGT	ACCAATAGAT	AATCCCACAA	1680
	CACCCGGTTC	TTTAAGTACA	GGTTCGAATT	TTTCTTTTAA	TACTTCAACC	GGTGCATGTG	1740
	TATTTGTAAA	TGCCTGAAAA	TAAGCAATAT	ATTTTCCTTC	GTGCCATTTC	TCATGCATCT	1800
30	TTTCTTTAAT	TTCTTTAAAT	TGTACTGCGA	TTGAATCTGC	ACGATTACCT	GCAAAGTCTC	1860
	CGCTACCTGC	AGCAGAACAA	AATGTACATC	CACCATGTGC	TACAGTGCCA	TCGCGGTTAG	1920
	GACAGTCAAA	CCCGCCATCC	AATGCAACTT	TAAATATTTT	TTGTCCAAAT	TTATTTTTTA	1980
35	AATGGTAATT	CCATGTGTGA	TAACGTTTGT	TTTCAAAGC	GTATTGGAAG	TGATTGCCCA	2040
	TATGTCATTT	TCCTTTCTAT	AAAAAAAGAG	TTCTAAGTAC	AGATTTTAAC	ATATTTTAAT	2100
40	GTTATAGTGT	TTATTATAGT	TTGACAAAAA	AGAGAGAGGA	ACTATGAAAT	ATGAATATAC	2160
	CTAAATCAGT	CTGGTGGCTA	GTAATTGGCA	TGGCGTTAAA	TATTACTGGT	TCCAGTTTTT	2220
	TGTGGCCTTT	AAATACAATT	TATATGAAAC	AAGAACTTGG	AAAAAGTTTA	ACTGTTGCTG	2280
45	GTTTAGTGCT	AATGATAAAT	TCATTTGGCA	TGGTTATTGG	AACTTATTA	GGTGGTTCAC	2340
	TATTTGATAA	ATTAGGTGGA	TACAAGACGA	TTTAAATTGG	AACTTCACT	TGTCTTTGTA	2400
	GTACAACGCT	ACTTAATTTT	TTTCACGGGT	GGCCTTGGTA	TGCTGTATGG	CTTGTAATGT	2460
50	TAGGGTTTGG	TGGCGGAATG	ATTATTCCTG	CGATATACGC	TATGGCTGGA	GCAGTGTGGC	2520
	CAAATGGCGG	AAGACAAACG	TTTAATGCGA	TATACTTAGC	GCAAAATATT	GGTGTGGCTG	2580

55



EP 0 786 519 A2

	ATCTTATTAT GTATGTTGTG TTTGCGCTTG TCGCGGTAAC GCAATTTAAT ATTGAAATTA	2700
	ATGCGAAAGT TAAATATCCA ACTCATTTAG ATATTACTGG TAAAAAGAAT AAAGCAAGAT	2760
5	TTATTTTCATT AGTACTAATT TGTGCAATGT TTGCAATTTG TTGGGTTGCA TATATTCAAT	2820
	GGGAGTCTAC AATCGCTTCA TTTACACAAT CTATTAATAT TTCAATGGCA CAATATAGTG	2880
	TTTTATGGAC AATTAACGGA ATAATGATTT TAGTAGCACA ACCATTAATT AAACCGATTC	2940
10	TCTATCTGTT AAAAGGAAAC TTAAGAAGC AAATGTTTGT CGGCATCATC ATTTTATGT	3000
	TGTCGTTCTT TGTACGAGT TTTGCCGAAA ACTTTACAAT ATTTGyTGTC GGTATGATTA	3060
15	TTTTAACTTT TGGAGaATGT TTGTATGGCC AGCAGTTCCA ACTAT	3105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 530:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 5532 base pairs
20	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 530:

	TAATGATTAA ACCAGATGCA GTACAAAGAA ATCTAATTGG TGAAGTAATT TCAAGAATTG	60
	AAAGAAAAGG ACTAAACTT GTCGGTGGTA AATTAATGCA AGTACCAATG GAACTTGCTG	120
30	AAACACATTA TGGTGAACAC CAAGGTAAAC CATTTTTATAA TGATTTAATT TCATTTATTA	180
	CATCAGCACC AGTGTTGCA ATGGTAGTTG AAGGTGAAGA TGCAGTTAAT GTATCTAGAC	240
	ATATTATTGG CAGCACCAAT CCTTCAGAAG CTTACCAGG ATCAATTAGA GGTGATTAG	300
35	GTTTAACTGT TGGTAGAAAT ATCATTACG GTTCAGATTC ATTAGAGTCT GCTGAACGTG	360
	AAATTAATCT ATGGTTTAAT GAAATGAAA TTAGTAGCTA TGCTTCACCA CGTGATGCAT	420
40	GGTTATATGA ATAAATATA AACTGTAAAC CTTTACGATT TATTTATAAA GGTAGAAAGG	480
	GTTTGTAT GTGGTTAGTC ATTATGaTTA TACATAACAA GGCCCGTTTT TTATGTTGTA	540
	GTAAATTACT TGAAAAATTT TATAGTTTTT KGGTAaCAG TAtTaAAAaG AGAGGAATAT	600
45	TCTTTATCAA ATGAAACTAA ACAGAGAGAA GGGGTTGTTA AAATGAAGaA TATTATTTTCG	660
	ATTATTTkGG GGATTTTAAT GTTCTTAAAA TTAATGGAAT TACTATATGG TGCTATATTT	720
	TTAGATAAAC CACTTAATCC TATAACAAAA ATTATTTTTA TACTGACTCT CATTTATATT	780
50	TTTTATGTAT TAGTAAAAGA ATTGATTATA TTTTGTaAGT CAAAGTATAA CAAAAGCGCT	840
	TAACATATGT ATATTTTAAT ATCATAATTT TTTTAAACGG ACTGATTAACT TTTATTAATA	900

55

	GATACGATTA TATTA AAAACG GCTAATCATT TTTAATTAAT GATTATATGA TGCAACTGTT	1020
	TAGAAATTCA TGATACTTTT CTACAGACGA ATATATTATA ATTAATTTTA GTTCGTTTAA	1080
5	TATTAAGATA ATTCTGACAT TTAAAATGAG ATGTCATCCA TTTCTTAAT TGAGCTTGAA	1140
	AACAAACATT TATGAATGCA CAATGAATAT GATAAGATTA ACAACATATT ATAATGTTAT	1200
	CGTGGAAGTA TGAAAGGAGC GAGTGTGTAT GAGATACCTA ACATCAGGAG AATCACATGG	1260
10	ACCTCAATTA ACAGTTATTG TTGAAGGTGT ACCTGCAAAT ATAGAAATTA AGGTTGAGGA	1320
	TATTAATAAA GAAATGTTTA AGCGTCAAGG CGGTTACGGA CGTGACGTC GTATGCAAAT	1380
15	TGAGAAAGAT ACAGTAGAAA TAGTATCAGG CGTTAGAAAT GGTATACAT TAGGTAGTCC	1440
	AATTACTATG GTTGTAACCA ATGATGACTT TACGCATTGG AGAAAAATTA TGGGAGCAGC	1500
	TCCAATAAGT GAAGAAGAAC GTGAAAATAT GAAACGTACT ATTACAAAAC CAAGACCTGG	1560
20	TCATGCAGAT TTGGTTGGAG GTATGAAATA TAATCATCGT GATTTACGAA ATGTGCTAGA	1620
	GCGATCATCT GCTAGAGAAA CAGCAGCTCG AGTTGCAGTC GGTGCCTTAT GTAAAGTGTT	1680
	ATTACAACAG TTAGATATCG ATATATACAG TCGTGTGTGTT GAAATAGGTG GAATTAAAGA	1740
25	TAAAGATTTT TATGATTCAG AAACATTTAA AGCAAATCTT GATCGTAATG ATGTTGCGT	1800
	AATTGATGAC AGTATCGCAC AAGCAATGCG AGATAAAATT GACGAAGCTA AAAATGAAGG	1860
	AGATTCAATT GCGGTGTGCG TTCAAGTTGT AGTTGAAAAT ATGCCTGTTG GTGTAGGTAG	1920
30	TTATGTGCAT TATGATCGTA AGTTAGATGG TAAGATTGCA CAAGGTGTTG TCAGCATAAA	1980
	TGCTTTTAAA GGTGTAAGCT TTGGTGAAGG ATTTAAAGCA GCTGAAAAGC CAGGTAGTGA	2040
35	GATTCAAGAT GAAATCTAT ATAATAGTGA AATTGGTTAT TATCGTGGAT CTAATCACTT	2100
	AGGTGGTTTA GAAGGCGGTA TGTCAAATGG AATGCCAATT ATCGTTAATG GTGTAATGAA	2160
	ACCAATTCCA ACGTTATATA AACCATTAAA TTCAGTAGAC ATTAATACTA AAGAAGACTT	2220
40	TAAAGCAACA ATTGAACGTT CTGATAGTTG TGCTGTTTCT GCAGCAAGTA TCGTCTGCGA	2280
	ACATGTCGTA GCATTGAAA TAGCAAAAGC ATTATTGGAA GAATTCCAAT CAAATCATAT	2340
	TGAGCAACTT AAACAACAAA TTATTGAGCG CAGACAATTA AATATTGAGT TTTAACAACA	2400
45	AGAACAATTG AGGTGTAATC ATGAAATTAC AAACAACATA CCCTTCAAAT AATTATCCAA	2460
	TATATGTTGA ACACGGTGCA ATTGACCATA TTAGCACGTA TATTGATCAG TTTGATCAAA	2520
	GTTTTATATT AATTGACGAG CATGTAAATC AATATTTTGC TGATAAATTT GATGATATTT	2580
50	TATCATATGA AAATGTACAT AAAGTTATTA TTCCAGCTGG TGAAAAGACG AAAACATTTG	2640
	AGCAATATCA AGAAACATTA GAGTATATTT TATCCCATCA TGTAACCTCGT AATACAGCAA	2700

55

## EP 0 786 519 A2

	ACGAGGCGTG CACTTTATAC AAGTGCCAAC GACTATACTA GCGCATGATT CTAGTGTGG	2820
	CGGTAAAGTG GGTATTAACT CAAAGCAAGG TAAAAACCTT ATCGGTGCAT TTTATCGTCC	2880
5	AACTGCTGTG ATTTATGATT TAGTCTTTTT AAAGACGTTA CCATTTGAGC AAATATTAAG	2940
	TGGCTATGCA GAAGTTTATA AGCATGCGTT ATTGAATGGT GAATCAGCGA CGCAAGATAT	3000
	CGAACAGCAC TTAAAGATA GAGAGATATT ACAGTCATTA AATGGTATGG ATAAATATAT	3060
10	TGCTAAAGGT ATTGAAACGA AGCTGGATAT TGTATTGCA GATGAAAAAG AACAAGGTGT	3120
	ACGTAAATTT TTAAATTTAG GTCATACATT TGGTCATGCT GTTGAATACT ATCATAAAT	3180
15	ACCTCATGGT CATGCAGTGA TGGTTGGCAT TATCTATCAA TTTATAGTTG CGAATGCTTT	3240
	GTTTGATTCT AAGCATGATA TTAATCATTA TATTCAATAT TTAATACAAC TCGGCTATCC	3300
	TTTAGACATG ATAAGTACT TGGATTTTGA AACGTTATAC CAATATATGC TAAGTGATAA	3360
20	AAAGAATGAT AAGCAAGGTG TACAAATGGT CTTGATTAGA CAATTGGAG ATATCGTTGT	3420
	ACAACATGTT GATCAACTAA CATTACAACA TGCATGTGAA CAATTAAAAA CATATTTTAA	3480
	GTAGGTGAAT GAAATGGTAA ATGAACAAAT CATTGATATT TCAGGTCCGT TAAAGGGCGA	3540
25	AATAGAAGTG CCGGGCGATA AGTCAATGAC ACACCGTGCA ATCATGTTGG CGTCGCTAGC	3600
	TGAAGGTGTA TCTACTATAT ATAAGCCACT ACTTGGCGAA GATTGTCGTC GTACGATGGA	3660
	CATTTTCCGA CTGTTAGGTG TAGAAATCAA AGAAGATGAT GAAAAATTAG TTGTGACTTC	3720
30	CCCAGGATAT CAATCTTTTA ACACGCCACA TCAAGTATTG TATACAGGTA ATTCTGGTAC	3780
	GACAACACGA TTATTGGCAG GTTTGTTAAG TGGTTTAGGT ATTGAAAGTG TTTTGTCTGG	3840
	CGATGTTTCA ATTGGTAAAA GGCCAATGGA TCGTGTCTTG AGACCATTGA AACTTATGGA	3900
35	TGCGAATATT GAAGGTATTG AAGATAATTA TACACCATTA ATTATTAAGC CATCTGTCAT	3960
	AAAAGGTATA AATTATCAAA TGGAAGTTGC AAGTGCACAA GTAAAAAGTG CCATTTTATT	4020
40	TGCAAGTTTG TTTTCTAAGG AACCGACCAT CATTAAAGAA TTAGATGTAA GTCGAAATCA	4080
	TACTGAGACG ATGTTCAAAC ATTTTAATAT TCCAATTGAA GCAGAAGGGT TATCAATTAA	4140
	TACAACCCCT GAAGCAATTC GATACATTAA ACCTGCAGAT TTTCATGTTT CTGGCGATAT	4200
45	TTTATCTGCA GCGTTCTTTA TTGTTGCAGC ACTTATCACA CCAGGAAGTG ATGTAACAAT	4260
	TCATAATGTT GGAATCAATC CAACACGTTT AGGTATTATT GATATTGTTG AAAAAATGGG	4320
	CGGTAATATC CAACTTTTCA ATCAAACAAC TGGTGCTGAA CCTACTGCTT CTATTCGTAT	4380
50	TCAATACACA CCAATGCTTC AACCAATAAC AATCGAAGGA GAATTAGTTC CAAAAGCAAT	4440
	TGATGAAGTCT CCTGTAATAG CATTACTTTG TACACAAGCA GTTGGCACGA GTACAATTAA	4500

55

AAACCTTGTTA GGGTTTGAAT TACAACCAAC TAATGATGGA TTGATTATTC ATCCGTCAGA 4620  
 ATTTAAAACA AATGCAACAG TTGATAGTTT AACTGATCAT CGAATAGGAA TGATGCTTGC 4680  
 5 AGTTGCTTCT CTACTTTCAA GCGAGCCTGT CAAAATCAAA CAATTTGATG CTGTAAATGT 4740  
 ATCATTTCCTA GGATTTTTAC CAAAACATAA GCTTTTAGAA AATGAGGGAT AATATAAAAT 4800  
 GGAAGATATC TATAAATTAA TAGACGATAT CAATCTACAA AACTAGAAA ATTTAGACTC 4860  
 10 TCGTGTTAAT GAAGCAATAA CTACTGACAA CGATGACGCA TTATTTATTC TAGGAGAGAC 4920  
 ACTTTACAAT TTTGGATTAA TGCCaCAAGG TTTGGAAGTA TTCCGCGTGT TATATCACAA 4980  
 ATATCCAGAC GAAAGTGAAT TGCTGATTTA TTTTATTGAA GGTTTAATGT CTGAAAATCA 5040  
 15 AACTGACGAA GCGTTAGAAT ATTTAAGTTA TGTTGAACCA TCACCTGAAA AGTTGATGTT 5100  
 AGAAGCAGAT TTATATCAAC AAATTAATAT GATGGAAGTT GCTATTGATA AATTACAAGA 5160  
 20 AGCACTTGAA CTAGAGCCAA ATGATCCAAT AATCCATTTT GCATTGGCTG AAATGTTATA 5220  
 TTATGATGGT CAATATTTAC GTGCTACCTC TGAATACGAA ACCGTTTTAG AAAGTGGTGA 5280  
 ATATCAAGTT AATGGTGTA ACTTATTCTC TCGTATGGCA GATTGTAGTT TACAAAGTGG 5340  
 25 kAACTATAGT GATkCcGATt CgCTTATACG ATGfAATTAA TGAAGATGAA ATGACTTCAG 5400  
 AAGATTATCT CAAAAGAGCC ATTTCTnACG ATAAAAATGA CATCACTCAA GAAGCAATTA 5460  
 AAATAATGAC TACATTACTT TCTAAAGATC CTGATTATAT TCAAgGCTAC TTGTATTTAC 5520  
 30 aATCaTTATA TG 5532

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 531:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 942 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 531:

AATTGGGTTA TACTATAGGT AAATTTAAGG AGGTAAGAAA ATGGATAAAA AAGAATTAGC 60  
 45 GAAATTTATA GGCAATAAAA TCAGATACTA TAGAACCaaa TTGaACTTAA CTCAAGATCa 120  
 ACTTGAGAGAA AAACCTmACa CTAAAAArGC TACTATTTCA AATTATGAGA CAGGGTACAG 180  
 AACTCCTAAA CAAGATGATT TGTTTGAAAT TGCTCATATT TTAAATATCA GTATCGATGA 240  
 50 TTTGTTTCCT ACAAGAAATA ATAAAAAAA CGACATCACT TCCATATACA ACAAACTCAC 300  
 ACCTCCCCGC CAAGAAAACG TACTTAACTA CGCAAATGAG CAATTAGATG AACAGAATAA 360

55

	AACTGGTGCT GGCATAGGAG AAGAATTATA TGATGACATA TTGCATGAAG AAGTATTTTT	480
	TAAAGAAGAC GAAACGCCAT CAAATGCTGA TTTTGTATT TTAGTTAATG GTGATTCAAT	540
5	GGAACCTATG TTAAACAAG GAACATACGC TTTTATTAAG AAAGAAGATT CTATTAAAGA	600
	TGGTACAATT GCACTCGTTG TATTAGATGG AGTAAGTCTT ATCAAGCGTG TAGATATATG	660
	CGAAGACTAT ATTAATTTGG TATCTCTAAA TCCGAAGTAT GATGATATCA AAGTCGCTTC	720
10	GTTTAGTAAT ATTAAAGTAA TGGGCAAAGT TGTATTGTGA TTAATAGCGC CTATATGGCA	780
	CTTTAATATA AAAGACGTCT ATTCAGCAG TGTTTAAAG GAGTTTATAA TGAAAATAAC	840
	TAATTGCAAA ATAAAAAAG AACTATAGT ATATGAAGTT TTAAGTAGTG GTAATCAACC	900
15	ATCACTTAT GAGTTACCTA AAGATTTATC GTCACATAAT GC	942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 532:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 417 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 532:

	TGGNAAATGC AAACCAAAT ATGATCCTCG TGCAAGTTGA AGCGGGACGT TATGAAGAAT	60
30	GGGTAAAGAA TGGTTATTTT AAACCGTCAG AAGATAAATC AAAAGAAACA TATACAATTG	120
	TTATCCCGCC ACCAAATGTA ACTGGTAAAT TACATTTAGG ACATGCATGG GATACGACTT	180
	TACAAGATAT CATTACACGT ATGAAACGTA TGCAAGGATA CGATACGTTA TACTTACCAG	240
35	GTATGGATCA TGCTGGTATT GCGACACAGG CAAAGGTAGA AGCTAAATTA AATGAACAAG	300
	GAATAACTAG ATATGATCTT GGTGCTGAAA AGTTTTTAGA ACAGGCATGG GATTGGAAAG	360
40	AAGAGTATGC GTCATTTATT CGTGCGCAAT GGGCTAAATT AGGTCTAGGT TTAGATT	417

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 533:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 733 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 533:

	GATCCTGAAC CCGCATTTGT TTCCACTAAA ACAGTATGCC CACTTTCTAC TAAAGCGTGC	60
--	---	----

ATTTTCATAC CATCCACCTC CATAATCATC TTAACGCGAA CATTTTGAAA GCGCAATCAA 180  
 AAATCCACAA AATTGTAAAG GTTATTACAC TGACTTTTCC GAAAATTGTG GTAAAATATA 240  
 5 ATTAAGAAAG AACAAGGAGG CACTTACTAT GATTACTTAC AAAAATATTT TAATCGCAGT 300  
 TGACGGTTCA CATGAAGCGG AATGGGCATT TAACAGAGCA GTTGGTGTG CTAAACGTAA 360  
 CGATGCGAAG TTAACAATTG TGAATGTAAT TGATTCAAGA ACGTATTCTT CTTATGAAGT 420  
 10 TTATGATGCT CAATTTACTG AAAAATCTAA GCATTTTGCA GAAGAATTAT TAAATGGTTA 480  
 TAAAGAAGTA GCTACTAACG CTGGTGTTAA AGATGTAGAA ACGCGTCTAG AGTTTGGyTC 540  
 15 TCyTAAATCT ATCATTCTTA AAAAGCTTGC ACATGAAATT AATGCAGACT TGATTATGAG 600  
 TGGTACATCA GGCTTAAATG CCGTGGAAGg ATTTATTGTT GGTTCGTAT CAGAATCTAT 660  
 CGTTCGTCAT GCGCCATGTG ACGTGTTAGT TGTTCGTACT GAAGAGTTAC CAGCAGACTT 720  
 20 CCAACCACAA GTT 733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 534:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 6060 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 534:

TGATGATCCT GAAGCGCTAT TGGATAATTA CAACACTGAA GATGTTGATG CACACAATTA 60  
 35 CAATAATATA AATCATGTTA TTTTGCCTG CGATGCGGGT ATGGGTCTTA GTGCAATGGG 120  
 TGCArGCATG TTACGTAATA AATTTAAAAA GGCGGGCATT AATGATATTA CAGTTACAAA 180  
 TACTGCGATT AATCAATTGC CAAAAGATGC TCAATTAGTT ATCACTCAGA AAAAATAAC 240  
 40 TGATCGTGCT ATTAAACAAA CACCAAATGC CATCCATATT TCAGTGGATA ATTCCTTAA 300  
 TTCACCAAGA TATGAAGAAC TTTTAAATAA TCTAAAAAAA GATGATCAAG CATAATAATT 360  
 AAATAAATTA AAAAATGGAG GATACCGCCA TGTTATTGAG TACACGTGAA AAAGAAATGA 420  
 45 TAGCCCTAtT GATTAAGTAC CACGGtCAAt ATATCACTAT ACACGACATT GCTCAGCAAC 480  
 TTGCGGTGTC CTCTCGTACT ATTCACCGTG AATTAAAAGG TGTTGAAGCA TATTTAACTT 540  
 CATTTTCATT AACTTTAGAA CGCGCAAACA AAAAAGGGcT ACGCATTGCT GGCACAGATT 600  
 50 CTGATTTAAA CGATTTGAAG CAATCGATTG CACAACATCA AACCATTGAC TTATCTGTTG 660  
 AAGAGCAGAA AGTAATTATT ATATACGCTT TGATACAAGC CAAGGAGCCA GTTAAACAAT 720

55

## EP 0 786 519 A2

	TAGAGCTTGA	TTTAAATAAG	TACCAACTAT	CTTTATCTCG	AAAGCGTGGC	GAAGGCATTT	840
	ACTTGGTAGG	TACTGAATCA	AAGAAACGTG	AATTTTAAAG	TCAATTAATG	GTGAATAACT	900
5	TAAATAGTAC	TAGCGTTTAT	TCAGTAATTG	AAAATCATTT	TGTCTTTCAT	TCATTAAATC	960
	AAATCCACAA	AGACTTTGTT	GACTTAGAGC	GCATTTTAA	TGTTGAAAGA	CtATTaATGG	1020
	ACTACCTAAG	TGCCTTACCC	TACCAACTTA	CCGAATCAAG	TTATTTAACT	TTAACTGTCC	1080
10	ATATCGTGCT	CTCCATTTCA	CGTATAAAAA	ATGGAGAGTa	TGTCGCATTA	AACGATGATA	1140
	TTTATGATTC	TGTACAAAAC	ACATTTGAAC	ACAAAGTaGc	AAGCGAACTT	GCTGATAAAC	1200
	TTGGTCAAAT	ATATGACGTC	ACGTTTAATC	AGGCAGAAAT	TGCTTTCATT	ACTATCCATT	1260
15	TACGTGGAGC	TAAACGAAAA	AATCTTAATG	ATACATCATT	AAATAATCGT	TGTGAAGAAA	1320
	ACAAAATTAA	AGCGTTTGTT	AACAAAGTAG	AAATGATTTT	CGGTATGACA	TTTGCAGATT	1380
20	TGGATACTTT	AGTAGATGGA	CTGACGCTAC	ACCTTAATCC	TGCAATCAAT	CGTTTGCAAG	1440
	CTAATATCGA	GACCTATAAT	CCGTTAACAG	ACATGATTAA	GTTCAAATAT	CCAAGACTAT	1500
	TTGAAAATGT	AAGATTAGCT	TTAAATGATT	GTTGGCCTGA	TTTGATTTTT	CCAGAGAGTG	1560
25	AAATTGCTTT	TATAGTtTTA	CACTTTGGTG	GCTCGATTAA	AAACCAAGGT	AATCGATTTT	1620
	TAAACATATT	AGTCGTTTGC	AGCAGTGGTA	TGGGAAGTAC	TCGTCTATTA	TCAACTCGTC	1680
	TAGAGCAAGT	TTTTAGTGAG	ATTGAGCGTA	TTACACAAGC	ATCAGTCAGC	GATTTGAAGT	1740
30	CACTAGATTT	AAGTCAATAT	GATGGCATT	TTCTACTGT	GAATTTAGAC	ATCGACTCCC	1800
	CCTATTTAAC	GGTAAACCCA	TTATTACCAG	ATAGTGATAT	CAGTTATGTC	GCACAGTTTT	1860
	TAAATACAAA	GTCTACGTTT	CAAGAGACGC	ATGATAAATC	ATCAAACATG	ATTGATAAGG	1920
35	ATGATGTTCA	TGTTGAAACG	AAAGATGTTG	ATGGCAACAC	ATCTTTTGAA	AATGAACAAA	1980
	CTTCATACTT	AACTTCAGTT	TTCGAAAAAC	ATTAAAGTGA	CGAAAAATCA	GAACAATTAT	2040
40	TGCATCATAT	GCGTTCGGGT	TTAACTTTGC	TTGATTCAGT	GAAAATAGTT	AGTACCGAAG	2100
	TTAAACAGTG	GCAAACATAT	ATCGCAGATT	ATCTATATCA	ATGCGATGTA	ATAAACGATC	2160
	CAACGTCATT	CGCTGAACTA	CTAGAGCAAC	GATTGATTGA	CAATCCAGGA	TGGATATTAA	2220
45	GTCCATATCC	TGTTGCAATA	CCACACCTAA	GAGACAATAT	GATTAAACAC	CCTATGATTC	2280
	TAATCACAGT	TTTAGAAGAA	CCGTTAACAT	TGCCTAGTAT	TCAAAATGAC	AATCAAACAA	2340
	TTAAATATAT	GATTTCCATG	TTTATTTCTG	ACAATGATTT	TATGGCATCA	CTGGTAAGTG	2400
50	ACTTGTCCGA	ATTTTAAAGT	TTGAAATTAG	AATCTATTGA	TACTTTTATG	GAAAATCCAC	2460
	AGGAACTTGA	AACATTATTA	AGAAACAAAT	TTTTAGAACG	AATTAAAAAA	CAATTTATTT	2520

55

## EP 0 786 519 A2

TAACAGCCAA AATGAAGCAA TTGAAAAAGC AGGTAAAGCC TTAGTTGATA GTGGTGCTGT 2640  
 AACAGATGCT TATATTCAAG CAATGAAAGA TCGTGAGCAA GTCGTATCAA CATTATGGG 2700  
 5 AAATGGCTTA GCAATTCCTC ATGGCACAGA TGAAGCTAAA ACAAATGTGA TTCACTCAGG 2760  
 TTTAACATTA TTACAAATCC CTGAAGGCGT TGAAGGGAT GGCGAAGTAG TTAAAGTTGT 2820  
 CGTGGGAATT GCTGGTAAAG ATGGCGAACA TTTAGACTTG TTATCTAAAA TTGCAATTAC 2880  
 10 ATTTAGCGAA GAAGAAAATG TGGATCGTAT CGTTCAAGCA AAATCTGCAG AAGAAATTAA 2940  
 ACAAGTATTC GAGGAGGCAG ATGCATAATG AAAGCAGTTC ACTTTGGTGC TGGTAACATA 3000  
 15 GGTCGTGGTT TCATTGGTTA TATTCTgCAG ACAACAATGT TAAAGTAACA TTTGCAGACG 3060  
 TCAATGAAGA AATCATTAAAT GCTTTAGCTC ATGATCATCA ATACGATGTT ATTTTAGCTG 3120  
 ATGAGTCTAA AACAACGACG CGCGTGAATA ATGtTGATGC AATTAATTCA ATGCAACCTT 3180  
 20 CTGAAGCGTT GAAACAAGCA ATTCTAGAAG CTGATATTAT TACAACAGCT GTTGGTGTTA 3240  
 ACATACTACC TATTATTGCT AAATCTTTTG CGCCTTTCTT AAAAGAAAAA ACAAACCATG 3300  
 TTAATATTGT TGCTTGTGAG AATGCTATTA TGGCAACTGA TACATTGAAA AAAGCAGTAC 3360  
 25 TTGATATTAC TGGCCCTCTT GGTAACNaTA TTCATTTTGC TAACTCAGCA GTTGATAGAA 3420  
 TTGTACCATT ACAAAGAAT GAAAATATAT TAGACGTTAT GGTGAGCCA TTTTACGAAT 3480  
 GGGTTGTTGA AAAAGATGCA TGGTATGGTC CAGAACTAAA CCATATTAAA TATGTTGATG 3540  
 30 ATTTAACACC ATATATTGAG CGTAAATTAT TAACTGTGAA TACAGGACAT GCATATTTAG 3600  
 CGTATgCTGG tAAATTTGCA GGTAAAGCTA CAGTTTTAGA TGCAGTTGAA GATAGTTCAA 3660  
 35 TTGAAGCTGG CTTACGCCGT GTTTTAGCTG AAAGTAGTCA ATATATTACT AATGAATTTG 3720  
 ATTTTACTGA AGCGGAACAA GCTGGTTATG TTGAAAAAAT AATAGATCGT TTCAACAATT 3780  
 CTTATTTATC TGATGAAGTA ACACGTGTCG GACGAGGTAC ATTACGTAAA ATTGGCCCTA 3840  
 40 AAGATAGAAT TATAAAACCA TTAACATATC TTTATAATAA AGATTTAGAA CGCACTGGTT 3900  
 TATTAAATAC AGCTGCATTG TTATTGAAGT ATGATGATAC AGCAGACCAA GAAACTGTTG 3960  
 AGAAAAATAA TTACATTAAA GAACACGGTT TAAAAGCGTT TTTAAGTGAA TATGCTAAAG 4020  
 45 TTGACGATGG CTTAGCCGAT GAAATAATTG AAGCGTACAA TTCACTTTCA TAATTTATTG 4080  
 AGCTTTGTTT GAAACAAGAA GTTTCCAACG TTATTCGTTA ACAATCAGTA ATAATGTAGT 4140  
 AGTTCCCTTG AATTAACAAT ATTAAATTTT TGAACATAAA AAATACTCCC TTCAACATAG 4200  
 50 ACACCTAACT TGTGTTATGT ATGAAAGGAG TATTTTTCG TTAATAATTT GTTTTATTTT 4260  
 CGAGCCACAG CCACCTATTC AATGGCTATT GGTCACTACT AAAACAAATT CATATTAECT 4320

55



EP 0 786 519 A2

	TTGAATAAAT TTTATTCTTC AGTTTGTTGG TCTTCTTAG TGAATCTTCT AATTAAGAAT	4440
	GCCATACCTG CACCTAGAGC TAATTCAGCA TATGGTAAAT CGTCATTATG TGACATACCA	4500
5	GTATCTGGTA AAGTTTTAGC TTGTTGTTTA GCTTTATTAA CTTTTCCTTG TTGAGCTGAT	4560
	TTTGTCTTAG CTGGTGGTC GTCAGTGTTA GTTACATTAA GCATATCTTG ATTAGCACTA	4620
	TTGCTTCCAT TTGAAACTGT AGCTGGAGAT GCATTGGCAC CGTCGTTTTG CGTAgyTTTA	4680
10	TTGTTTGCAG CTGAACCAAC TGATTTTTCG GTATCATTAG TATCTGCTGT TGCCGTATCA	4740
	TCTTTTTGGC TAACATTAGT TGAAGTCATT TTTTCTTTTG CTTCAGAAGA TGCAGATGTT	4800
	GATGGTTTAT TCGAAACTTC AGTATCAGCT TTGCTTGGCG ATTTATCTGC TTCGTTAGAT	4860
15	GCAACGTTAG TTTCAGACTT AAGTTGTCCT GCATCAGTTT GATTTGTCGT ACTTCTTCT	4920
	TTATCTTTTG ATGTATTAGA AGGTACATTT GGTTCGTGA TGTCTGCTGA AGGCAATGTT	4980
20	TCAGTTGTTG ATTCAACCAT ACTTTGATTT GTTGAATCAC TACCATCTTT TTCTGCCTTA	5040
	GCTTTATTTT CAGATTTTGG TTGTGCAACC TTGTCATTAG TTGATTGAGA TTCAGCACTA	5100
	TTATTTACTT CAGCATTTTG TTTTGAATCA TTTACAGATG CATTATCTTT GCTATCAGCA	5160
25	GATGATGCTG CTTCTGTGCT CGCAGTTGTT GGAGCCGTTG CTGTTGATCC TGTGGTGCA	5220
	TTCTCGTTTG TTGCTGTAGT TGTACTATTG TTATTTGTTG TGCTTTCTGC TGGCGTTGCA	5280
	TTATCAGTTT CTGTTACAGG TTTATCAGTT GTGCCGTTAT TAGTTGATTC TACTTCTGGT	5340
30	TTACTAGTTA CATCGTTATC CATGTGCGGA CTGTTTGTG ATGCATCTAC ACTAGAATTG	5400
	TTATTAGCTT GCGGTTTATC ATTTGCATCA TCAGTTGCTG ATGTTGCTGT TGTTCACCT	5460
35	GTTGCCGCAT CACTATTATT TGGTGTGTC GGAGAAGCGT CTGCTTTGCC ATTAGCTGTC	5520
	GTCTCAGATA CGTTAGGTTG TCCAGTATTT TCTGGTGTG CATTAGCATT TGAATTTGCT	5580
	GTTGCATCAT TATTATCTAT ACCATTATTA GTATCATTAG CATCTGGATC ATTCTGAGGC	5640
40	ACAATCGCTT CAATTGCAGG TATCGTTACA TTTTGTAATT CAGCAACTTC TGCATTTGTT	5700
	TGTGTTTTAT CTAATTTATC AGCAAATCTG TCAAATATC TACCTAAATC CGTACGTGCA	5760
	ATTTCTTTTG CCGATGCATC TGCATCTGCA TTTTAAATTA TTTCTATTG CTGTGTAACC	5820
45	ACTTCTCTGA TTGCTTCCAA AGCATTTTTT TTAACCTCAG GATTAATACG TTGTGCTTTA	5880
	AGTTGTTCAA GCGCACTATT TTTGACAGTA GCGATTTCTG CATTTGTAGT TTGATCAGAA	5940
	ATATCTTCAG TTGCTTTTGA TAAATGTCT TCTAAAGCAT TCGTAAACGC TTCTTTTTCT	6000
50	TCAGTTGTAG CATCAGCGTT GACATTTACA CCTGCTTCAA TCTGGTCTAG TGCAGTTTCT	6060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 535:

55

(A) LENGTH: 977 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 535:

10 AACAAAGCCT TCCAATTATC TGCCTCGGTA GAACAAGTAT TAGCAACTTT ATCACCTACG 60  
 CTAAACAGTC CTTACGATTT ATACGGCACG ACAAAAATGC TAGATATTAC ATTCGATTCA 120  
 TTTGAACATG ATGGTACAAC GTACCCTGTC GACTATGCTA CGTTTGAAAA TGATTATGAA 180  
 15 GATAATAAAG ATCCTGAGTT TAGACGTAAA AGTTTCAAAT CGTTTAGCGA TGGGATTCTGA 240  
 AAATATCAGC ATACTACCGC GGCTACATAT AATATGCAAG TACAACAAGA AAAAATTGAA 300  
 GCTGATTTAC GTGGATTGTA ATCAGTCATC GATTATTTAT TACATAGTCA AGAAGTAACG 360  
 20 CGTGATATGT TTGACCGTCA AATCGATATG ATTATGCGTG ACTTGGCACC AGTTATGCAG 420  
 AAATATGCTA AACTTTTACA ACGTATTCAC GGATTAGATA ACATGCGTTT TGAAGACTTG 480  
 AAGATTTCTG TAGACCCTGA TTATGAACCA GAGATTTCAA TTGAAGACTC AAAAAATTAT 540  
 25 ATTTTCGGTG CGTTAAGTGT TTTAGGTGAT GACTATACAA ACATGTTACG TGAAGCATAC 600  
 GATCAGCGAT GGATTGATTT TGCACAAAAT AAAGGTAAAG ATACAGGCGC ATTTTGTGCA 660  
 30 AGTCCATACT TTACACATTC ATATGTGTTT ATTTCTTGGA CTGGTAAAAT GGCTGAAGCA 720  
 TTTGTCTTAG CACATGAATT AGGTCATGCA GGTCATTTTA CATTAGCTCA AAAACATCAA 780  
 CCATATCTTG AATCAGAAGC ATCAATGTAC TTTGTTGAAG CCCCTTCTAC AATGAATGAA 840  
 35 ATGTTGATGG CCAATTATTT ATTTAACACA AGTGATAATC CAAGATTTAA GCGTtGGGTT 900  
 ATTGGCTCAA TTTTATCTAG AACATATTAT CATAATATGG tACCCmTTTA TTAGAAGCnG 960  
 CTTATCCACG GGGAGTG 977

40

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 536:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1440 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 536:

50 AGACAGTGAT yGaATTTCAT TTACAGTACA CAAATCATCG AAAAAATTGGT AACATTCTTC 60  
 TCTATTTTCT AACGTTAgwA TTgCATCAAA CAATTCATCT AACGCTGCAC CTCGTAATTT 120

55

EP 0 786 519 A2

	AATCTATTAA AGTGTAGCGa TTTATATTTT ATTAAATCTG AATCGTTACT TTATTTAATT	240
	TTATGCTAAT CCAGCGCGTT CGAAAATAGT GTCAACTTGa TTCAAATGAT GTTTAGGATC	300
5	GAAACATTCA TCCAATTCTT CTTTGTGTTAA AACACTTGTA ATAGACTCAT CTTGTTTCGAT	360
	TAATTCACGG AACGGTGTTT TCGTTTCCCA AGATATCATC GCTTTTGGTT GTACTTTGTC	420
10	GTATGCTTCT TCACGAACCA TACCTTTATT AATTAATGCT AATAAGACAC GTTGTGAGAA	480
	AATCAGACCA AATGTTTTAT CTATGTTATT ACGCATATTA TCTTCAAATA CAGTTAAACG	540
	GTCCACAATA TTTGTGAACG ATTCAATGCA TAATCTAGTG CtATTGTAAC ATCTGGTAAC	600
15	ATAATACGCT CAGCAGAAGA ATGAGAAATA TsTCTTTCAT GCCATAATGG CACATTCTCA	660
	TAAGCTGTAG TAATATAACC ACGAATGACT CTTGAAATAC CTGTGATATT TTCAGAACCA	720
	ATTGGATTTC GTTTATGAGG CATTGCAGAT GAACCTTTTT GGCCTTTTGC AAATGCTTCT	780
20	TCAACTTCTC TCGTTTCGGT TTTTGAAGG TTACGTATTT CAACGGCAAA TTTTCTAGT	840
	GATGTCGCGA TTAATGCTAA TGTGCAATA TAGTATGCAT GTCGATCGCG TTGCAATGTT	900
	TGCGTTGATA CAGGCGCTGT GCCAATACCT AAATGTTTAC ACACATAACT TTCTATTTCA	960
25	GGAGGAATGT TAGCAAAAGT ACCTACTGCA CCACTCATTT TCCCTACTTC AATTTCTTCT	1020
	CTTACTTGTT TGAAACGTTG TAAGTTACGT TGCATTTCCG TGTACCACAA TGCCATTTTG	1080
	ACACCAAATG TAGTTGGTTC TGCATGCACT CCATGTGTAC GTCCCATCAT CAATGTATAT	1140
30	TTATAATTTT TTGCTTTTTC AGCTAAAACG TCGATAAATC TTTCTAAATC TTTTCAATA	1200
	ATGTCATTTG CTTGTTTAAT AACGAACTT AAAGCTGTAT CTACAACATC AGTAGAAGTT	1260
	AAACCATAAT GTACcACTTA CGTTCTTCAC CTAGCGTTTC AGAACTTGT CTAGTAAAGG	1320
35	CTACAACATC ATGGCGCGTT TCTTGTTCAA TTTCTTGTGC ACGTTCGACA TTTACCTTTG	1380
	CGTTTTGACG AATTTTTTGT ACGTCAGCTT TCGGTATATG TCCTAATTCA CTCCATGCTT	1440

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 537:

	(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 784 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
45	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 537:

50	GATAAATCTA TnCAGTTTCC GTCCAAATAT CtGCaCCTAA AGCTTTTAAg TGTCTACAA	60
	TATCTgTATA ACCTCTATAA ATATGTTTAA CATTGTAAAT TGTAGTTACA CCCTCAGCAA	120

55

CATGTAATGT TGATGGTTTT ATCGTTGCTG TGCCTTCGTC AACTTCAATA TTTGCACCCA 240  
 TGCGCTTTAA TTCTTCAACA TGTTTAAAC GCTCCGATA AATCGTATCA GTTACAAATG 300  
 5 AAGGACCATT TGCCATAAAT AATAATGGTG TAATAGGCTG TTGCAAATCA GTAGCAAAAC 360  
 CTGGATATAC TAGTGTTTTA ATATCAACAA ATTGATATGG CGCATTATTA TTGATGCGAA 420  
 10 TTCTTTCGTC TCTTACATCA ACATTACAC CTAATTCACT AAATTTAGCA GTTAATGTTT 480  
 CTACATGTTT CGGAACAATA TTATTTAATA TAACATTTTC TCCACATGCT GCAGCGATAC 540  
 ACAATATATGT GCCTGCTTCA ATTCTATCAG GTATAACTTG ATACTCAGAA CCATGTAATT 600  
 15 CTTTGACGCC ATTGATTTTA ATTGTTGATG TACCCGCTCC CTTAATATTA GCTCCCATAC 660  
 TTGTTAAGAA GTTAGCAACA TCAACTACTT CCGGTTCTTT AGCAGCATT TCAATTACAG 720  
 TTTGTCTCTGT TGCATAAACT GCAGCTAGCA TAATGtnAAT TGTTCACCT ACGCnaACCA 780  
 20 TATC 784

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 538:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 3733 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 538:

CAATCTCCAC CAATGACACG TCGTCATTCG TGACCTCATA CCArACAAAA AACAGTCTCG 60  
 35 CAATCAAGAC TGTTTTCCAC TCAATATATT CATCCATTAG CGTAATAGAT TATTTGACTT 120  
 CTGTAGCTAC AAAGaTTTTA CGTTTTTCCC AAACGCCTGT cTTTTCATTG TAATCATCAC 180  
 AAGTAATTAA TGTTAATTGT TTATCTTTAC CTTTTTGTTT ATCTAGAAcT CCTACATCTG 240  
 40 TAGGCTTAAC ATCTCTTATA CTTGTCAATT TATACTTACG TGTTTCATTA CCAACTTTAA 300  
 AGTACACCAT ACTACCTTTT TTGGCTGCTT TAAGATTTGT AAATTGATAG TTCGGACGGT 360  
 CAATGAAAGT GTGTCTTGCA ATTGAAATAT TTTGATCATC TAGTGATTCA TTTTCTTCTG 420  
 45 CAAAGCTTAC ACCTCTATTT AATTGTTTCTG GTGTTGCTGG TCCTGGATAT ACTGGTTCTT 480  
 TAATATCAGC ATCTGGAATT TCAATATAGC CTGCCACTTT CGATTTATCT TTCGGAATTT 540  
 GAGGTTTAGC TTGCTGCTTT TTATCTTTAC TCGCCTGTTT TTTTACATTT TTATCATATT 600  
 50 GTTCAATCTT TTCATCTTTA TCTTTATCGT GAAGATAATT ATCGATATGT GGTTTAGCAA 660  
 ACAAATATGC TGCCACTAGG aTAAGTACCA CACCAGCGAT TGTCATTAAT CGATTTGTCC 720

55

## EP 0 786 519 A2

	AGTATACCAT TAATTTCAAA ATGACTCATA GCAATTCATT TTATACTATA AAATTTACAT	840
	GTATACTTTT ACGTTAGATT TCATTACACA TATTTGCATT CAAATAACGA AACGCTTTTA	900
5	ATAATTACTA AGGGGGAATT GATATGATTA GATACGCTAA AAAAGAGGAT TTAAACGCTA	960
	TATTAGCGAT ATACAATGAT GCCATTATCA ATACTACAGC TGTTTATACT TATGAACCAC	1020
	AAACCATAGA CGAACGTGTC GCATGGTTTG AAACGAAACA ACGTAAGCAT GAGCCTATCT	1080
10	TTGTATTTGA GGAAAATGGA AGTGTCTTAG GGTTTGCGAC GTTCGGTTCA TTTAGACCTT	1140
	GGCCAGCATA CCTATATACA ATCGAACATT CTATTTATGT CGATGCTTCA GCTAGAGGAA	1200
	AAGGTATTGC TAGTCAATTA CTACACCATT TAATTGTGGA AGCAAAAGCT AAAGGTTATC	1260
15	GTGCGCTAGT TGCAGGCATT GATGCTTCCA ACAAGCGAG TATTCAGTTG CATCAAAAGT	1320
	TTGCTTTTAA GCATGCCGGC ACACTGACCA ATGTAGGTTT TAAATTTAAT AGATGGTTAG	1380
20	ATTTAGCATT TTACGAATTA GATTTACAAG ACTAGTAATG TTTGAATCAC ATAATATAAA	1440
	CAAGACAACC ATGTTAATTC CCTTAACATA ACAAGCCAAC ATATAAAATT TTAACTTCT	1500
	CAGGGGAGTG GGACAGAAAT GATAAAGAGC CACTAATGAT TTATTATGTA GTGGTTCTTA	1560
25	CACATTAGCC ACAGCTAATG TGTACTTAAA AATAGGAATA CATGAGTAAA ACTCATGCAT	1620
	AAGAAATACT AATTTCTATA GAAAAAGTAT TTCTTTATCG TCGTCCCACC CCAACTCGCA	1680
	CATTATTGTA AGCTGACTTT TCGTCAGCTT CTGTGTTGGG GCCCAAAAAG CTTGTTACAA	1740
30	GCGCATTTTC GTTCAGTCAA CTACTGCCAA TATAACTTTG TAGAGCATAT TACATTGATT	1800
	TACATTGTCC CTTTTATTTA TTCTTTTCAA ATACTATCCC CATAGCTTTG ATTTAACGCT	1860
	TTTTCTCAAT AACAAAACGA ATATAGTAGA ACATGAAAAC GATAATCATG CTGAGCGATA	1920
35	AAGATTTAAA TAATAGATTG ACCCACGTTT CCTCAGTCGT ATATCCATAT GTAATCGTTG	1980
	TGTTAATGAT GAATGCTATA AAGATGATTG ATAGTCTTAG CATATCATCA CTCCTTTTAA	2040
40	GTTATTTTAG ATATACGGGG GCGCTTTTGC AATCACTATT TTGATTAGTA TGCATTTTCC	2100
	ATAAATCTTT CAACTTCTTC AGAGATAATT AAGAAGCATC TATCTGGTAC TAATGATCCA	2160
	GACAGATGCT TCTTTTTTAT CAATATTTTA TTGTTATCTC ATTAATTATT TTTAACCATA	2220
45	TCTTCAGCTG TGCCAAAGAT TTTACGTTTA ATTGCTTCGC CAGTTGGTGT GCCTGCTAGT	2280
	CCACCCAATC CAGTTTCACG TAATGATGCA GGAAGGTAC GACCAACCTT ATCCATTGCT	2340
	TCAATAACTT CATCAACAGG GATTCTACTT TCAATACCTG CTAATGCTAA ATCTGCTGAA	2400
50	ATTAAAGCGT TACCCGAACC AATTGCATTT CTCATAACAC AAGGAATTC AACAAAGCCG	2460
	GCTACTGGAT CACAACTAA ACCTAATAAA TTACTTATCG CTAATGCCAT AGCGTGCCCC	2520

55

EP 0 786 519 A2

	GAACCAACTT CAGnTTGGCA GCCACCTGTT GCACCAGCTA CACTTGCATT GTTTGCTACG	2640
	ACACGCCCAA ACAATGCTGA AGTGAATAAG AAATCAATCA TTTGCTCTTC TGTTAAATCA	2700
5	TGTGTTTTTT CTAATTTAAA AAGTGCACCG GGAATGGTAC CCGAGGAACC AGCTGTTGGC	2760
	GTtGCACAAA TAATACCCAT CGCAGCATTG ACTTCATTG TTGCAATGGC AcCtTTGcTG	2820
	CGTCAATCAT TTCATATCCA GACAAAGCAT GATGTGTTTC ATTATAATCA CGTAGTTTAG	2880
10	CAGCATCATG ACCAGTGTAG CCCGTTACAC TTTCAACCCC ATCACCTGTC GTCCCTTTGA	2940
	TTACTGCGTC TCGCATGACA TCTAAATTTT GTTTCATTG CGCTCGCACT TCATCACGTG	3000
15	ATTTACCGCT TAATTCCATT TCTTCTTTAA CCATGATATC CGCAAATGAC ATATTATTTT	3060
	CTACGGCATA ATCTATAGTC TCTCTAATTG AATCAAACAT GTTTATTCCC CCTCTAATTT	3120
	ATATAGGAAA CGTTTACGTC ACTGTATTTT TCTTTAATTG TATTTAATGT TGATTCTGAG	3180
20	ATTGCTTTAT TTAATGGTAT TACAACCAAG CATTTATCTT CATCTATCTT AATAAATTCA	3240
	TCTTTACAGT CTAATTTTAT ATCGTTGATA TCATTGATGA AATGATTTAC TTGTGCTTTA	3300
	GTCATATTTT CGTCAACAAC TAAAATTGGT AATCCATGAT TTAAATCTAC TTCTAGTCCA	3360
25	TTTATATGAA TACCTTTAAT TTTAATTGTA CCACCACCGA TTGAAATACC GATAATTTCA	3420
	ATGTAGCGAC CATCATTACG AGATGATTG ATATAAGCAC AGTTTGATG TTGACCAATA	3480
	CTATCGCCTT CTCTCTCGAT GATATCTATT TTAATACCAT CATCAGCTGC AATTTCTAAT	3540
30	GAAGATTTAA TTCGGTTATC AAATGTTGAA TATCCCATTG CTCCACCCAC AATAGCGACA	3600
	TCTGTACCAT GTCCTTGGTG TGTTTGAGCA AATGATTCAT AATAATGTAT TTCAATATTT	3660
	TTATATCTCC CAATATTGCG CGTGCTGAAT TCCCCTTTAC TGCACCAGCC GTATGAGAAC	3720
35	TTGAAGGGCC CAT	3733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 539:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 525 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 539:

	TGGCTGTCTT CTCTATGAGT GTAGTAAGTA AGTTAACGGA TTAAACGCCA AGGCAAATAC	60
50	GTTACTATGA AACACATGAA CTCATCAAAC CTGAAAGAAC AGAAGGTCAA AAACGTCTGT	120
	TCTCACTCAA TGATTGGAA AGATTACTAG AAATTAAATC ATTATTAGAA AAAGGATTTA	180

55

AAGAGATAAG AAAAAAGATG ATTGTAGATG CCACGCAAAA GCCTATTGGA GA<sub>r</sub>ACTTTGC 300  
 CAATAAATCG TGGTGATTTA TCCCGATTTA TTAAATAAAA TTTGGAGGAT TTTAAAATGC 360  
 5 CAAAACGTAC TTTCATAAA GACGACATTC GTAAATTTGC AGA<sub>a</sub>GAGGAA AaTGTAaGaT 420  
 ATTTAAGATT ACAATTCACT GATATTTTAG GAACAATTAA AAATGTTGAA GTGCCTGTAA 480  
 10 GCCAATTAGA AAAAGTACTT GATAACGAAA TGATGTTTGA CGGTA 525

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1408 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 540:

TTGATTTGCT ACAAAGTATC TnCTCATTTC TGTATCCTGA AAAATCTTTA GTGTAATAAT 60  
 GTTGTTCACT TTTAATATTT TCAGTCATAG TTGACTACCT CCGTATATTT TGATTTAATT 120  
 25 AAGTTGTATA TTTTGATGAA CACTTATTGT TACTTGTTGG CGCAAGTAGC AGTTTTTTTCA 180  
 TTCTTCATAA AAGTATTCCT TATAGAATAT GAATGTTGCG ATACTTGCGA ATCCTGCAAT 240  
 TGaCCATGCT GtAGTGAAAGT ATAGAAACGG CATAAGTACA ATCGCTAAGA CTGTGAAGCA 300  
 30 TAGTACTGCT ACTAGGTAGC TTTTATAAAAT GTTACTCATT TTCTTTTTTC AACTCCTCCA 360  
 TTATTCTCTG GTCTGATAAG TCGTGATAAG GGAATTTTTT CctAGCTAAT TGGACTGGTA 420  
 35 TTCTGCGTCG TATCGCAATG TATCCTTCAT CTTCAAGCTC TTTATTCACT TCTCTTATTA 480  
 TTTGTCCTGC TTTGGATTTA GAAACAGATA AAATTACCgC AAGTTCTTTA GCTTGCAAAC 540  
 TATTTTTCAT CATATCTTTT CCTCCTTTAA AATAACTGTT GATTCTCTGG GTTATCTGCT 600  
 40 TCGTAATTAT CTGCAATAAT ACTTTTAGCG AAAAAGTCCA AACTGACCTT ATATAGGTTG 660  
 TTCATAGATT TCTTTACGTT AACCCCTTCC TCAAGTACAT AAGGCACCCT AAAATCATT 720  
 ATAAACAGTC CGTTTTGCTC TAAAGTAACG GTTGGAATT CAGGTTTGTT CCGTCTATAA 780  
 45 ACTTCTCCTA GTGTAGGTTT TTGCTTTTCA GCTTGTTTAG TGAAGTCGGA AAATGCCTTA 840  
 AGTAGTTTTA TTCCTGAATC AGGATCACTG TGTCGCTCAA TCGTTTCTGC TGTAGACTCT 900  
 TTACTAAAAT CATTTCTATT GATTACAGGC TTTCTCGTAT TTCGTTCAAT CTTCCAAACC 960  
 50 TTCCACGTCA CAACTGCCAT TGTGGTGAGG AGGGTTGTTT TGTATAGTGC GTTCATTTGT 1020  
 AATTCCTCCT ATTAAGTTGT TTGTTCAATT GTGTGTGTTA TTCTTCTCG TCTAAATCAA 1080

CGACTTCGTA AGTGTGCTCA ATCTCGCCTG cATATGTCAC AGTAAGAGTA TCTTTGTGTG 1200  
 TGTATGTTTG ACTTTTGTTy TCTtTAACTG CATAAAGTGT TAATACTATA TTGTTTAGCT 1260  
 5 TTyCTTTTTG TTCTGGTGTC ATTTACGCTC CCCCTAmATT AGCyTCATAA CCGAATTCAG 1320  
 TCATGATTTTc ATGTATTTTc AATCTGCCTT TTTGTGTCCA TCTAGTTTGT AAAACTGTGT 1380  
 10 CTTCTCTGCC ATCAGAACGC ACAATTGT 1408

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 541:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 432 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 541:

GTTCGTCAAT GATTTTATC CGATGCTATG AGCATTaTCA AATACAAAAT GCTCTCTTAA 60  
 AAGCAGTTAT TGA CTGAAAA TCTACTTCTA AGAGAGCACT TTATTTAATT ACTTAAGAAA 120  
 25 TCTTGAAATT TCAATATACG ATGTTTATGA TAAGTCGCTT ATTTTCATCTT TAGGCTTGTT 180  
 ATTAGTAAGT AGTTTAATAC CACTGATTAA CCATAAAGCA AATGTAATTA TGTTACCACT 240  
 TATTACAGCT CCAATAATCA ACAATATACC ACTCATTTTT TTGTTTTTTAG ATGCTTTAAA 300  
 30 CATACOGATT GCACCTAAAA TAATTGAAAT GATTCCAAAT ATGAATAGGG ATAAGAATAA 360  
 TACAGTGAAA ATTGCTGCTG CTGTTTCTGc ATCAACTGGG nCAACCTCAC CATTAACTGT 420  
 35 TGTGGACAC AT 432

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 542:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2426 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 542:

ATAATCATGA AGTnGCTAAA nCGCCAAATA ATGATGGTTC TGGACATGTT GTGTAAATA 60  
 AATTCCTTTC AAATGAAGAG AATCAAAGCC ATAGTAATCG ACTCACTGAT AAATTACaG 120  
 50 GAAGCGATAA AATTAATCAT GCTATGATTG AAAAATTAGC TAAAAGTAAT GCCTCAACGC 180  
 AACATTACAC ATATCATAAA CTGAATACGT TACAATCTTT AGATCAACGT ATTGCAAATA 240



## EP 0 786 519 A2

	GTATAAAAAG TCAACGAAAT ATTATTTTGG AAGAACTTGC ACGTACTGAT GATAAAAAGT	360
	ATGCTACACA AAGCATTTTA GAAAGTATAT TTAATAAAGA CGAGGCAGTT AAAATTCTAA	420
5	AAGATATACG TGTGTGATGGT AAAACAGATC AACAAATTGC AGATCAAATT ACTCGTCATA	480
	TTGATCAATT ATCTCTGACA ACGAGTGATG ATTTATTAAC GTCATTGATT GATCAATCAC	540
	AAGATAAGTC GCTATTGATT TCTCAAATTT TACAAACGAA ATTAGGAAAA GCTGAAGCAG	600
10	ATAAATTGGC TAAAGATTGG ACGAATAAAG GATTATCAAA TCGCCAAATC GTTGACCAAT	660
	TGAAGAAACA TTTTGCATCA ACTGGCGACA CGTCTTCAGA TGATATATTA AAAGCAATTT	720
15	TGAATAATGC CAAAGATAAA AAACAAGCAA TTGAAACGAT TTTAGCAACA CGTATAGAAA	780
	GACAAAAGGC AAAATTACTG GCAGATTTAA TTACTAAAAT AGAACAGAT CAAAATAAAA	840
	TTTTTAATTT AGTTAAATCG GCATTGAATG GTAAAGCGGA TGATTATTG AATTTACAAA	900
20	AGAGACTCAA TCAAACGAAA AAAGATATAG ATTATATTTT ATCACCATA GTAAATCGTC	960
	CAAGTTTACT AGATCGATTG AATAAAAATG GGAAAACGAC AGATTTAAAT AAGTTAGCAA	1020
	ATTTAATGAA TCAAGGATCA GATTATTAG ACAGTATTCC AGATATACCC ACACCAAAGC	1080
25	CAGAAAaCGt TAACACTTGG TAAAGGTAAT GGATTGTAA GTGGATTATT AAATGCTGAT	1140
	GGTAATGTAT CTTTGCCTAA AGCGGGGGAA ACGATAAAAG AACATTGGTT GCCGATATCT	1200
	GTAATTGTTG GTGCAATGGG TGTACTAATG ATTTGGTTAT CACGACGCAA TAAGTTGAAA	1260
30	AATAAAGCAT AATTATATTG GGGGAAGAGC ATCTATATAT TTTTTAAGT ATATAAGACG	1320
	TCTTATTTCC CCTTAATTTA TTGTGAAGTA TATGCAAAT GCAATGAATA GATTGTCCAT	1380
35	CATTTTAACG TTATAATGAA TTTAACGACT TAGAACTACA CAAGTAAAGG AGAATGAAGA	1440
	TGTCTCGAAA AACGGCGCTA TTAGTTTTGG ATATGCAAGA AGGTATAGCG AGTAGTGATC	1500
	CTAGAATAAA AAATATTATT AAAGCGAATC AGAGAGCAAT TGAAGCAGCA AGACAACATC	1560
40	GAATACCAGT CATTTTCATA CGTTTAGTGT TAGATAAGCA TTTAATGAT GTCTCCTCGA	1620
	GTAATAAAGT GTTTTCAACA ATTAAAGCTC AAGGATATGC GATTACTGAA GCAGATGCAT	1680
	CTACACGAAT ACTTGAAGAT TTAGCACCAC TAGAAGATGA GCCGATTATT TCTAAGCGAC	1740
45	GCTTTAGCGC ATTTACAGGT AGTTACTTGG AAGTTTATTT ACGTGCAAAT GATATTAATC	1800
	ATTTAGTATT AACGGGTGTC TCTACAAGTG GAGCTGTATT GAGCACGGCA TTAGAAAGTG	1860
	TAGATAAAGA CTATTATATT ACTGTTTTAG AAGATGCTGT TGGTGATAGA TCAGATGATA	1920
50	AACATGACTT TATTATTGAA CAAATTTTAT CACGCTCATG TGACATTGAA TCCGTAGAGT	1980
	CATGGAAAAG TAGTTTATAG TTAATATAAC GTCAATTAAA GCTCGGCAGT AATGTTTGAG	2040

55

GAGGAACATT TGAACATAAA ATAATATATT TATATAAAAC GACCgAGGCG TTCGAACTGA 2160  
 ATGtCCTCGG GTTTAATTGA ATAGAAATCG GACTTATGAA CGAAATATGT TTAAGTCGAA 2220  
 5 CTCCTTGTTT ATACTTATAA ATTTTACGGG TTTAATATAA TACTTATTTA CCTGTAATAT 2280  
 ATGCATAATT nCTTCAGTCG GTCAGCCTGT CGTTGCATAG TTCCTATGCA GCAAATGCAT 2340  
 ATCCTAATCC TTTAACATTG GCATTnCTGC AAATGAACGC ATAGAATCCA TTCACTGTTA 2400  
 10 ACTTTTTnCA ACAAATGTCT nACATG 2426

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 543:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1874 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 543:

GAGTTGGGGA ATGTGCTCAA AATATGCGGA CTTTATGCAT TyCGGAATTG sCCaATTGCA 60  
 25 GCTTTAAGCT ATGGTCAAAA AAAGAGGGTC ACTATAGCAT CTGTTTTAGT CTTAAATCCG 120  
 GAAATAATCA TATTGGATGA ACCGACTGCT GGTCAAGATT TCTATCATTa TAATGAGATA 180  
 ATGTCATTTT TAATTGAACT AAACAGACAG GGAAGACGA TTATTATGAT TACGCATGAT 240  
 30 ATGCATTTAT TGTCTGAGTA TAGTTCAAGA ACAGTTGTAT TATCAAAAGG TCAAGTCGTT 300  
 GCTGATACCA CGCCAgTATT GGTTTTAAAT GATAAAAAAA TCTGTGAGAT TGCATCATTG 360  
 AGACAAACAT CGCTATTTGA AATGGCCGAA TATATAGGGA TTAGCGAGCC ACAGAAATTA 420  
 35 GTACAATTAT TTATTAACCA TGATAGGAAG GTGAGACGcC AATGAATCAA TATAATACTA 480  
 TAGGTTTTCA CCCGGGAAAT AGTCGTATTC ATCAATTAAA TCGGACTGTT AAACTTTTAT 540  
 40 TCTTATTAGT TGTTTCTATT TCTGCAATGG TGACTTATGA CACAAGATAT TTAATTTTAA 600  
 TTAGTGCTTC ATCTATTTTA TTGGTCAAAT ATGCTCATAT TGAATGAAA CAAGTTCGCT 660  
 TTGTTGTTAA ATTCATTCTG TTTTTCACAA TAaTAAATAT TATTGCCGTG TACATATTTG 720  
 45 ACCCTGAATA TGGTGTGAAG ATTTATAATC AGCGTACAGA GTTAGTCAAT GGTATTGGTC 780  
 GATTTACGCT AACATCACAG GAATTATTCT ATCTTTTTAA TCTAATATTA AAATATATTA 840  
 GTACAGTTCC TTTAGCGTTA ATATTTTTAT TCACAACGAA TCCGAGTCAT TTTGCTGCAA 900  
 50 GTTTAAATCA GCTAGGTGTG AATTATAAAA TCAGTTACGC AGTCTACTA GCATTAAGGT 960  
 ATATTCCAGA TATTCAAGAA ACATATTtta ATATTTCACA AGCGCAACAA GCAAGAGGAT 1020

EP 0 786 519 A2

TACCTTTAAT ATTTTCTAGT ATCGAAAGAA TTGACACTAT TAGTACTGCT ATGGAGTTAA 1140  
 GACAATTTCG ACAGTATAAA AGGAGAACCT GGTACGTCAA AAAACAATTA AAAAAAGATG 1200  
 5 ATTATGTTGT TTTGTGTTTG ACGTTAATAC TTCTGATGTT AGTAGTTACA TTATTCCTTT 1260  
 TAAATAATAG TCGATATTTT AACCCGTGGC ATTAGTATTC ATATAAATAG TCTTTAAATA 1320  
 GAAATAGGAG GGAGACATTT AATGATAAAT ACTGAAAGAT TAAATTTAAT GATTCCAAGT 1380  
 10 TCCTCGCATT TAATTGAACT TTATAATATT TGTAGTCATC CACAAGCAAA TATATACACT 1440  
 CCCAAAGGTT TACATAATTC CAAATTAGAC ACACAACGGT GGATTGAAAA ATGGCGAAAC 1500  
 15 CATGGCAAC AATATCAATT TGGTTACTTT GTATTGGTAA AAAAAATAGA TTGTAGTGTT 1560  
 ATTGGTATTT GTGGATATGA ATATCGACAA TTAAAGCAAG AaACAGTATT AAATTTATTT 1620  
 TATAAATTAC ATCCAAGTTT TGAAGGACAA GGGTACGCAT GTGAGGCTAT TACAGCAATC 1680  
 20 ACAAATTTTG TGAATTATAT CGATCAAGAA ACAGTAAAAG TTATCAGGAC AAATAAGTGT 1740  
 AACCAACGTT CAATAAATTT AGCAGAAAGG CTAAATTCA AGCGAGACGA TACTATGGAC 1800  
 GACATTATCA ATCAAGGAGA TATTGTGTTT TAAnAATAAA ATACTATGAC ATTATCTAAA 1860  
 25 AAATAAAATT AAAA 1874

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5280 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 544:

TCAACATTTT TAACACCAAT GTGAAAATGA TCTATGTGAT TTGCAATGGC TTGATTTGTA 60  
 40 ATATGTGTGC CTAAATGACC TGTAGCACCT GTTAACATAA TATTCATTCA CTCATCTCC 120  
 TAATCTTTAT ATACATAACA TAATACTTAT TTGATGGTTT TCAAAACATT TGATTTTATA 180  
 AAAAAATTCTA ATCTGTATTT ATTGTCGACG TGTATAGTAA ATACGTAAAT ATTATTAATG 240  
 45 TTGAAAATGC CGTAATGACG CGTTTTAGTT GATGTGTATC ACTAATATCA TTGAAAATTT 300  
 TAATCaGGTA CTACGACAAT ATGATGTCTG TTTTGTGTCT GAAAGTTTTA CAGTTTTTAA 360  
 50 AATAAAAATG GTATAAAGTG TGATTTGTAT AAAAAAGAGT CTCGACGGAT AAGAATTGAT 420  
 TAATAACAGT TAGCATTTTA TTAATTACCT TAACAATGAT TCAAGTTTAG TTAAATGAGG 480  
 TTTAATTTGA AAGGGGATAG CGCCTCAATA TAATGTAGGT AGATTGTTCA TATTACGTAA 540

## EP 0 786 519 A2

	AAGCAAGTTT AGCATTGGGA ATGTTAGCAA CAGGTGTAAT TACaTCGAAT GTACAATCAG	660
	TACAAGCGAA aGCAGrAGTT AAaCAACAAa GTGAaTCAGA GTTAAACAC TATTATAATA	720
5	AmCCAATTTT AGAGCGTAAA AATGTGACTG GATTTAAATA TACTGATGAG GGTAAACACT	780
	ATTTAGAAGT CACAGTAGGG CAACAGCATT CTCGAATCAC TTTACTTGGA TCTGATAAAG	840
	ATAAATTTAA AGACGGAGAA AACTCAAATA TAGATGTGTT TATCCTTAGA GAAGGTGACA	900
10	GTAGACAAGC AACAAATTAC TCAATTGGTG GCGTTACAAA ATCAAATAGT GTGCAGTATA	960
	TTGATTATAT CAATACGCCA ATTTTAGAAA TCAAGAAAGA TAATGAAGAT GTACTTAAAG	1020
15	ATTTTTACTA CATTTCAAAA GAAGACATCT CATTAAAAGA ACTTGATTAT AGATTAAGAG	1080
	AACGTGCGAT TAAACAACAC GGCTTGATT CAAATGGTCT TAAACAAGGT CAAATTACAA	1140
	TTACAATGAA TGATGGCACA ACACATACAA TCGATTAAAG TCAAAAACCTT GAAAAAGAAC	1200
20	GTATGGGTGA GTCAATCGAC GGCACATAAGA TTAATAAAAT TCTAGTAGAA ATGAAATAAT	1260
	ACTTTCTAAC AACAAAGCGC TATGTTGAAT AGTGCTTGTT ATGGAAATAT ATGGAAGTTA	1320
	AGCGACGTAC TGTTGCTTAG CTTCTTTTTT TGAGGGGAAA AGTTACAAAA CTCACACAAA	1380
25	CAGTCGCACC ACGCATTATC TTTTGCTTAA ATAGCTTAAT CATATTTTAT GAATAGTTAA	1440
	AAACAGGTTA ATGTGAATAT CCGAATACAG CTCCTATAAT ATGGGTGTAT GATTCAAATT	1500
	ACGTAATAAA ACAATCTAAT TATAATAGAT TGGAGCATAC AACTATGAAA ATGAAAAATA	1560
30	TTGCAAAAAT AAGTTTGTTA TTAGGAATAT TAGCAACAGG TGTAACACT ACAACGGAAA	1620
	AACCAGTTCA TGCCGAAAAG AAACCTATTG TAATAAGTga AAATAGCAAA AAATTAAAG	1680
35	CTTATTATAA TCAACCTAGT ATTGAATATA AAAATGTGAC AGGTTATATC AGTTTCATTC	1740
	AACCAAGTAT TAAATTTATG AATATCATAG ATGGTAATTC TGTTAATAAT ATTGCTTTAA	1800
	TTGGCAAAGA TAAGCAACAT TATCATACGG GTGTACATCG TAATCTTAAT ATATTTTACG	1860
40	TTAATGAGGA TAAGAGATTT GAAGGTGCAA AGTACTCTAT TGGGGGTATC ACGAGTGCAA	1920
	ACGrTaAAGC TGTCGACCTA ATAGCAGAAG CAAGAGTTAT TAAAGAAGAT CATACTGGTG	1980
	AATATGATTA TGACTTTTTT CCAATTAAAA TAGATAAAGA AGCGATGTCA TTGAAAGAGA	2040
45	TTGATTTTAA ATTAAGAAAA TACCTTATTG ATAATTATGG TCTTTACGGT GAAATGAGTA	2100
	CAGGAAAAAT TACAGTCAAA AAGAAATACT ATGGAAAGTA TACATTTGAA TTGGATAAAA	2160
50	AGTTACAAGA AGACCGTATG TCCGATGTTA TCAATGTCAC AGATATTGAT AGAATTGAAA	2220
	TCAAAGTTAT AAAAGCATAA CACATATACT TGATGACGAA ATAAGTTGAA ATTGAAATAG	2280
	AGAGGTAAAG TGACGATCAA ACGTTGCTTA ACTTCTTTTT AATGCTTAAA AATTATTTCA	2340

55

	TTAATAATAC TTCAATAATT GTTAAAAGGG GTTTAATGTG ATTATCTTAG AACGCCATCT	2460
	ATAATGATGT TGTATGATTC AAATTACGTA AAAAGACAAT CGAATATAAT ATAGATTGGA	2520
5	GCATACAATT ATGAAAATGA GAACAATTGC TAAAACCAGT TTAGCACTAG GGCTTTTAAAC	2580
	AACAGGCGCA ATTACAGTAA CGACGCAATC GGTCAAAGCA GAAAAAATAC AATCAACTAA	2640
10	AGTTGACAAA GTACCAACGC TTAAAGCAGA GCGATTAGCA ATGATAAACA TAACAGCAGG	2700
	TGCAAATTCA GCGACAACAC AAGCAGCTAA CACAAGACAA GAACGCACGC CTAAACTCGA	2760
	AAAGGCACCA AATACTAATG AGGAAAAAAC CTCAGCTTCC AAAATAGAAA AAATATCACA	2820
15	ACCTAAACAA GAAGAGCAGA AAACGCTTAA TATATCAGCA ACGCCAGCGC CTAAACAAGA	2880
	ACAATCACAA ACGACAACCG AATCCACAAC GCCGAAAAC AAAGTGACAA CACCTCCATC	2940
	AACAAACACG CCACAACCAA TGCAATCTAC TAAATCAGAC ACACCACAAT CTCCAACCAT	3000
20	AAAACAAGCA CAAACAGATA TGACTCCTAA ATATGAAGAT TTAAGAGCGT ATTATACAAA	3060
	ACCGAGTTTT GAATTTGAAA AGCAGTTTGG ATTTATGCTC AAACCATGGA CGACGGTTAG	3120
	GTTTATGAAT GTTATTCCAA ATAGGTTTCAT CTATAAAATA GCTTTAGTTG GAAAAGATGA	3180
25	GAAAAAATAT AAAGATGGAC CTTACGATAA TATCGATGTA TTTATCGTTT TAGAAGACAA	3240
	TAAATATCAA TTGAAAAAAT ATTCTGTCCG TGGCATCACG AAGACTAATA GTAAAAAAGT	3300
30	TAATCACAAA GTAGAATTAA GCATTACTAA AAAAGATAAT CAAGGTATGA TTTACGCGA	3360
	TGTTTCAGAA TACATGATTA CTAAGGAAGA GATTTCTTGG AAAGAGCTTG ATTTTAAATT	3420
	GAGAAAACAA CTTATTGAAA AACATAATCT TTACGGTAAC ATGGGTTTCAG GAACAATCGT	3480
35	TATTAAAATG AAAAACGGTG GGAAATATAC GTTTGAATTA CACAAAAAAC TGCAAGAGCA	3540
	TCGTATGGCA GACGTCATAG ATGGCACTAA TATTGATAAC ATTGAAGTGA ATATAAAATA	3600
	ATCATGACAT TCTCTAAATA GAAGCTGTCA TCGGAAAAAC AAGAAGTTAA GTGACAACGG	3660
40	TTTACATGTT GCTTAGCTTC TTTTATTATG CGTAATGATG TAAAAAGACG AATATTTCATT	3720
	TGTTTGTAAG AGTGGCATT CTATGTCTTA AAAGTGACGA AACTTCAAAT GTGCCAAGTG	3780
45	TTGAATCACA TCAAAATCAT TTTTATTTAA CGAACATTAT GGATTTCTTA ATTTACTTAA	3840
	CGATGATTCA AATATAGTTA AACAAGGTTT AATGTGAATG GAGCAATACG CCATCTATAA	3900
	TAAAGCTGTA TGATTCAATG AATGTAATCG AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA	3960
50	CAACTATGAA AATAACAACG ATTGCTAAAA CAAGTTTAGC ACTAGGCCTT TTAACAACAG	4020
	GTGTAATCAC AACGACAACG CAAGCAGCAA ACGCGACAAC ACTATCTTCC ACTAAAGTGG	4080
55	AAGCACCACA ATCAACACCG CCCTCAACTA AAATAGAAGC ACCGCAATCA AAACCAAACG	4140

CGCCTTCAAC TAAAGTGACA ACACCTCCAT CAACAAACAC GCCACAACCA ATGCAATCTA 4260  
CTAAATCAGA CACACCACAA TCGCCAACCA CAAAACAAGT ACCAACAGAA ATAAATCCTA 4320  
5 AATTTAAAGA TTTAAGAGCG TATTATACGA AACCAAGTTT AGAATTTAAA AATGAGATTG 4380  
GTATTATTTT AAAAAAATGG ACGACAATAA GATTATGAA TGTGTGCCCA GATTATTTCA 4440  
TATATAAAAT TGCTTTAGTT GGTAAAGATG ATAAAAAATA TGGTGAAGGA GTACATAGGA 4500  
10 ATGTCGATGT ATTTGTCGTT TTAGAAGAAA ATAATTACAA TCTGGAAAAA TATTCTGTCTG 4560  
GTGGTATCAC AAAGAGTAAT AGTAAAAAG TTGATCACAA AGCAGGAGTA AGAATTACTA 4620  
15 AGGAAGATAA TAAAGGTACA ATCTCTCATG ATGTTTCAGA ATTCAAGATT ACTAAAGAAC 4680  
AGATTTCTTT GAAAGAACTT GATTTTAAAT TGAGAAAACA ACTTATTGAA AAAAATAATC 4740  
TGTACGGTAA CGTTGGTTCA GGTAAAATTG TTATTAAAT GAAAAACGGT GGAAAGTACA 4800  
20 CGTTTGAATT GCACAAAAAA TTACAAGAAA ATCGCATGGC AGATGTCATA GATGGCACTA 4860  
ATATTGATAA CATTGAAGTG AATATAAAAT AATCATGACA TTCTCTAAAT AGAAGCTGTC 4920  
ATCGGAAAAA CAAGAAGTTA AGTGACAACG GCCTACATGT TGCTTAGCTT CTTTGTAT 4980  
25 GTTCGATGAT TTGAGAACCC GAATTTTCGA TGGGTCCAAA TATGACGTGG AAGAGACCTG 5040  
AATTTATCTG TAAATCCCTA TCTATCGGGT GTGAAGCACA ACGGGATCAG TTTTATTTAA 5100  
CGAACATTAT AGATTCCTTA ATTTACTTAA TAATGATTCA ATGATTATTA AACATGGTTT 5160  
30 AATGTGAAAG GTCAAATACG CTAATATAA TAAAGCTGTA TGATTCAATA GACGTAAGCG 5220  
AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA CAACTATGAA AATGACAGCA ATTGCGAAAG 5280

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 545:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 886 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
40 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 545:

AGTAAAATTG CCGGTATGAT GGACACAAAC GGTGACCTTG GTCAAGGTGA ATTAGCGATT 60  
AATCCACCTA AATCAGATTT gAACGAATTA CCTTGGGCTA CACGTAAAAA TAAACAGCCA 120  
50 GCTTCATCCG AAAAAgGTTT AAGTGGTCAT CATGGTAATG CAGCAATGCC TCAAACCAma 180  
TTAGATTATC AAATATCTAT TGATAAGGTC GTTGAACAGG CGAAAAAGC TGGTATTAAA 240  
AAGCCGTTTT CAATCGTATA TCCAAGTGAT AAAAATGGTA CCTTTATTGT ATCTAATACT 300

55

GATCAATATA GCGGTAAAAA GCTAGGTACG ATTAAATATG ATGACTACGG TATTATTGCT 420  
 AAATGGTTTA CATGGGGCAT TCCGCTTCAC GAAGGTCATT TATTCGGCAT TTAAATAAAA 480  
 5 ATCATTAAAT TATTTGTATG TATCGCTTTA TTAGTAGCCA TTGGCATGGG GTTGTCTCT 540  
 TGGATAAAGC GTACAAAAA TACTGCAGTA AAAGTACCAC ATCGCGTAAA AAAACCAGCA 600  
 TCTATATCAC TCATAATATG TTTAATTGTA TTAGGATTAT TAATGCCATT ATTTGGATTA 660  
 10 TCACTTATCC TTGTATTTAT AATTGAATTA ATATTATATA TTAAAGATCG TCGTGCTAAA 720  
 CAATAATGCA CTTAAAGTTT TGAAGTACG AAATTACAA AATGgATTCT CGTCTCTCTA 780  
 15 ATTACTTAAA ACGGGgTtCy AaTAATAAAT CgTACTGaTG GgAAAGTTTT TACTTTTTTat 840  
 CTGtCCGAtT TTTInGAAwT TGAAGATAAA AAAGCATCTA AAACGC 886

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 546:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4336 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

25

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 546:

30 GGCATTGTG TCCTTATATA AGGAACTGTG tTAAATACAT TACTGTTGTT AAGTTGTTTT 60  
 TGTAATTCAA AGAGCAGAAC AGAGTAACAT CATCAGTTGT AGTAAACGAT AATCCGGTAA 120  
 AACAACTAAA TGAAATAATG AAAGTCATTT AACCTGAACA TTTAAATATA TTTGTTTTTC 180  
 35 ATTAAGAATA ATTCAAGTAT ATTTAAATCG AGGTTAATTA TCGTATGAAA CGATGCACGT 240  
 TATAATAAAA ATGTATGATT CAAATTACGT AATGAAAACA ATCCAATATA TTAAGATTGG 300  
 AGCAATAAAA TATGAAATTT ACAGCATTAG CAAAAGCGAC ATTAGCTTTA GGAATTTTAA 360  
 40 CAACAGGAAC TTTAACAACA GAAGTTCATT CAGGTCATGC AAAACAAAAT CAAAAGTCAG 420  
 TAAATAAACA TGACAAGGAA GCATTATACC GATACTACAC TGGAAAGACT ATGGAAATGA 480  
 AAAATATTAG TGCTTTGAAA CATGGTAAAA ACAACTTACG TTTTAAGTTT AGAGGTATTA 540  
 45 AGATTCAAGT TTTACTGCCT GGAAATGATA AAAGTAAATT TCAACAGCGT AGTTATGAGG 600  
 GGTTAGATGT TTTCTTTGTT CAAGAAAAAA GAGATAAGCA CGATATATTT TATACTGTTG 660  
 50 GTGGTGTAAT ACAGAATAAT AAAACATCTG GAGTTGTCAG TGCACCAATA TTAAATATTT 720  
 CAAAAGAAAA GGGTGAAGAT GCTTTTGTGA AAGGTTACCC TTATTACATT AAAAAAGAAA 780  
 AAATAACACT AAAAGAACTG GATTATAAGT TGAGAAAGCA TCTAATTGAA AAATACGGAC 840

55

ATAACCTTGA TTTAAGATCT AAATTAAAAT TTAAATATAT GGGGGAAGTC ATAGAAAGCA 960  
 AACAAATTAA AGATATTGAA GTTAACTTAA AGTAAATCAT TACGAATAAT TAAAAGTAAT 1020  
 5 TGAAGCGGCT TAACGGTGAA ATGTAAATTG GTGCGCATAG CTTATACAAA AAGGATGCAT 1080  
 CAATCGATAT CGTCGTTAAG CCGTTTTGGT TTGTGTGTCA TGAATCCTAT CCCAATCTCC 1140  
 10 ATAAAGGTAA AATTTCCACC ACCAACATCA AAATTCTCCA CATCGCAACA TAACCAAATG 1200  
 TTATAATAAA TCTATTACAC AAAGAGATAA ATTACTTATT CAAAGGCGGA GGAATCACAT 1260  
 GTCTATTACT GAAAAACAAC GTCAGCAACA AGCTGAATTA CATAAAAAAT TATGGTCGAT 1320  
 15 TGCGAATGAT TTAAGAGGGA ATATGGATGC GAGTGAATTC CGTAATTACA TTTTAGGCTT 1380  
 GATTTTCTAT CGCTTCTTAT CTGAAAAAGC GGAACAAGAA TATGCAGATG CCTTGTCAGG 1440  
 TGAAGACATC ACGTATCAAG AAGCATGGGC AGACGAAGAA TACCGTGAAG ACTTAAAAGC 1500  
 20 AGAATTAATT GACCAAGTCG GTTACTTCAT TGAGCCAGAA GATTTATTCA GTGCGATGAT 1560  
 TCGTGAAATT GAAACGCAAG ATTTGATAT CGAACACCTG GCGACGGCAA TTCGTAAAGT 1620  
 TGAAACATCA ACATTAGGTG AAGAAAAGTGA AAATGACTTT ATCGGTCTGT TCAGCGATAT 1680  
 25 GGATTTGAGT TCAACGCGAC TAGGTAACAA TGTCAAAGAA CGTACTGCTT TAATCTCTAA 1740  
 AGTCATGGTT AATCTTGACG ACTTACCATT CGTTCACAGT GACATGGAAA TTGATATGTT 1800  
 30 AGGTGATGCA TATGAATTCC TAATTGGGCG CTTTGCGGCG ACAGCGGGTA AAAAAGCAGG 1860  
 CGAGTTCTAT ACACCACAAC AAGTATCTAA GATACTGGCG AAGATTGTCA CAGACGGTAA 1920  
 AGATAAATTA CGTCACGTGT ATGACCCAAC ATGTGGTTCA GGTTCACTGT TGTTACGTGT 1980  
 35 TGGTAAAGAA ACACAAGTGT ATCGTTATTT CGGTCAAGAA CGTAACAATA CTACATACAA 2040  
 CTTAGCACGC ATGAATATGT TATTACATGA TGTGCGTTAT GAGAACTTCG ATATCCGTAA 2100  
 TGATGACACA TTGGAAAACC CAGCCTTTTT AGGCAATACA TTTGATGCGG TTATTGCGAA 2160  
 40 CCCACCGTAT AGTGCGAAAT GGA CTG CAGA TTCAAAGTTT GAAAATGACG AACGATTGAG 2220  
 TGGTTACGGC AAAGTTGCGC CTAAGTCTAA AGCAGACTTT GCCTTTATTC AACACATGGT 2280  
 45 ACATTACCTA GACGATGAAG GTACCATGGC CGTTGTACTC CCACATGGTG TATTATTCCG 2340  
 AGGTGCTGCA GAAGGTGTCA TTCGTGTTA TTTAATTGAA GAAAAGAACT ACTTAGAAGC 2400  
 TGTGATTGGT TTGCCAGCGA ATATTTTCTA TGGGACAAGT ATTCCAACAT GTATTTTAGT 2460  
 50 ATTTAAAAAA TGTGCGCAAC AAGACGACAA CGTACTATTT ATCGATGCAT CCAATGATTT 2520  
 TGAAAAAGGA AAAAATCAAA ATCATTTAAG CGATGCCCAA GTCGAACGTA TTATAGACAC 2580  
 ATATAAGCGT AAGGAAACAA TTGATAAATA TAGCTACAGC GCGACACTAC AAGAGATTGC 2640  
 55



## EP 0 786 519 A2

	GATTGATTTA GATCAAGTCC AACAGATTT GAAAAATATC GATAAAGAAA TCGCAGAAAT	2760
	TGAGCAAGAA ATCAATGCAT ACCTGAAAGA ACTTGGGGTG TTGAAAGATG AGTAATACAC	2820
5	AAAAGAAAAA TGTGCCAGAA TTGAGGTTCC CAGGGTTTGA AGGCGAATGG GAAGAGAAGC	2880
	AGTTAGGGGA TCTTACAGAT AGAGTAATTA GGAAAAATAA AAACCTTAGAA TCGAAAAAGC	2940
10	CTTTAACAAT ATCCGGACAG TTAGGTTTAA TTGATCAAAC AGAATATTTT AGTAAATCAG	3000
	TTTCGTCGAA AAATCTAGAA AATTATACAC TAATAAGAA TGGAGAATTC GCGTATAACA	3060
	AAAGTTATTC TAATGGATAC CCATTAGGGG CTATTAAAAG ATTAAGTAGA TATGATAGTG	3120
15	GTGTATTGTC CTCTTTGTAT ATTTGTTTTT CTATTAAAAG TGAAATGTCT AAAGACTTCA	3180
	TGGAAGCATA TTTTGATTCTG ACACACTGGT ATAGAGAAGT TTCTGGAATT GCAGTTGAGG	3240
	GTGCAAGAAA TCACGGATTA TTAAATGTTT CTGTGAATGA TTTTTTTACT ATTCTAATTA	3300
20	AATATCCAAG TTTAGAAGAA CAGCAAAAAA TAGGCAAGTT CTTCAGCAA CTCGACCGAC	3360
	AAATTGAATT AGAAGAACAA AAGCTTGAAT TACTTCAACA ACAGAAAAAA GGCTATATGC	3420
	AGAAAATTTT CTCACAGGAA CTGCGATTCA AAGATGAGAA TGGTGAAGAT TATCCAGATT	3480
25	GGGAAAATAG CAAAATAGAA AAATATTTAA AAGAGAGAAA CGAACGTTCT GACAAAGGGC	3540
	AAATGCTTTC AGTAACTATA AATAGTGGCA TTATAAAATT TAGTGAATTG GATAGAAAAG	3600
30	ATAATTCAAG TAAAGATAAA AGTAATTATA AAGTAGTTAG GAAAAATGAT ATTGCATATA	3660
	ATTCTATGAG AATGTGGCAA GGGGCTAGTG GTAAATCAAA TTATAATGGG ATTGTTAGCC	3720
	CTGCATATAC TGTGCTTTAT CCAACACAAA ATACTAGCTC ATTATTTATT GGATATAAGT	3780
35	TTAAACACA TAGAATGATT CATAAATTTA AAATTAATTC ACAAGGATTA ACATCAGATA	3840
	CATGGAAGTT AAAATATAAA CAATTAAAA ATATAAATAT AGATATACCT GTATTGGAGG	3900
	AACAAGAAAA GATAGGTGAT TTCTTTAAAA AAATGGATAT ATTGATAAGT AACAGAAAA	3960
40	TGAAAATTGA AATATTAGAA AAAGAGAAAC AATCCTTTTT ACAAAAAATG TTCTTATAAC	4020
	TTTGATAAAT ACATAGATTG CATAAGAATA AAATTTGTAT AATTTAACAT AAAAGTTGTA	4080
45	AAAGTAAAGT GAATTAAAA CGAACATTAA ATTTAGGCAC TGTGAAAGCG CAGTGTCTTT	4140
	TTTGTGTCGA AATTGTGTAC AGAATAAGTA GTTAAATAAA GATTAAGTTG AGATAAAGTG	4200
	TTATTGTAAT ATAAAAGAGA GTAGATCGAT AGGAATTGAA TGATATTAGT TAACTATTTA	4260
50	TTAAATTACT TAATAATGAT TAATTTTATG TTAAAGTAAG TTTAATGTGA AGCACGACCA	4320
	TTGCTCATT TAATGA	4336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 547:

55

(A) LENGTH: 487 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 547:

10 TAAGCTATCT GAGATAATTG CTGATAACAT TAAACCGGCA ATTTTCAGGTT TAATTTCAAA 60  
 GCCACGTTCT CTAAACATTT TGTATAAAAT TGTAGCTGTA CAACCAACTG GTTCAGCACG 120  
 ATAACATAAA GGACCAGCAG TTTCGAAATT TGCAATTCTG TGATGATCAA TTACATGCTT 180  
 15 AATTGTAGCA GAGGCAATCG TATCAGAACT TTGTTGGaAT TCGTTATGAT CAACTAAGAT 240  
 AACATCTTGA CCATCTAAAT CATCTGTAA TAATTCGGGA GCAGGTACAT TAAATGTATC 300  
 TAACGCGAAT TGAGTTTCTG CACTCACATC ACCTAAACGG TATGCTTTGG CTCCTGAATT 360  
 20 ACCTCGAAGT TGTTCaAATT CTGCCaTAAT AATCGCAGAT GAAATTGCAT CAGTGkCTGG 420  
 aTTCTTATGT CCGAAAATAT ATGTTTTAGC CAnTGTCAAA TATCTCCCTT GTAAATTGTA 480  
 25 TTCTTTA 487

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 548:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 871 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 548:

TTGGTGGTGC AGCAGTTATA GCAATTGTTT TAGCATTTCAT TGGTAAGTTC ACTGCATTAA 60  
 TTTCTTCTAT ACCTACmCCA GTTATGGGAG GAGTATCTAT ATTACTTTTC GGTATTATTG 120  
 40 CAGCAAGTGG CTTAAGAATG TTAGTTGAAA GCAAAGTAGA TTTTGCGAAC AATCGAAATT 180  
 TAGTTATAGC TTCTGTAATT TTAGTTGTAG GTATCGGTAA TTAGTATTTT AACTTAAAAA 240  
 45 AAATTGGTAT CAACCTTCAA ATTGAGGGGA TGGCATTAGC TGCACTTTCA GGAATTATTT 300  
 TGAACCTAAT CTTACCTAAA GAGAAAAAAC AAAACAATTA AGATTTACAA ATTAAGGAGG 360  
 GCGCTTTTAT GAATCATTTA TTATCAATGG AACATTTATC TACAGATCAA ATATACAAAC 420  
 50 TTATCCAAAA GGCAAGTCAA TTTAAATCTG GTGAACGTCA ACTACCAAAC TTTGAAGGGA 480  
 AaTATGTCGC AAATTTATTTC TTTGAAAATT CTACTCGrAC AAAATGTAGT TTTGAAATGG 540  
 CAGAACTTAA GCTAGGGTTA AAAACGATTA GCTTTGAAAC ATCAACATCA TCTGTTTCAA 600

TCATTAGACA TCCGTTTAAT AACTACTATG AAAAATTAGC GAATATTAAC ATCCCAATTG 720  
 CGAATGCTGG TGATGGTAGT GGACAACATC CAACACAAAG TTTACTTGAT TTAATGACGA 780  
 5 TATATGAAGA ATATGGATAT TTTGAAGGCT TGAATGTATT GATTTGTGGA GAcATTaAAA 840  
 ATTACAGTGT CGCACTAGTA ATTACCAaAG T 871

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 549:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 549:

20 TCAATCTAAT ATATACTTCA TGACTTCCCG CCAAAGGCGC AATCGTAGGA TTAGTCTGTT 60  
 TATCGATAAG ATCTATTAAT ATTGTTTCTA CTTTAGATTC ACCTATTCCC GCAAATCTTA 120  
 ATAGTTCAGA ATGTATAATT CGATTATGGT TTATAAAATG TGACAACAAT TCATTTTTTCA 180  
 25 CCATTGGTTG CATTTCTTTC GGTGGACCTG GTAATAAAAT AATTTGTTTG TTTTCAAAAT 240  
 TCACCATCAT TCCTGGAGCC ATGCCATGAT GATTTGTAA TACAGTTGAA CCTTCAATTA 300  
 CTAAAGCCTG TTGTCTATTA TTAGGTGTCA TTTCTCTGCC TTGTTCTCA aAAWAGCTTT 360  
 30 CAATATATTG AAAGAAGGCT CATCAATAAC TAAATCTnTA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 550:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1523 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 550:

ATACCTCCAG CTAGAATACC AGCGTATTTT ATAAAATACT TCCTCCATTC AACTATATCT 60  
 45 ATATTTAATT ATTTAAATTT CGTTGCATTT TCCAATTGAA AACTCATTTT AAAATCAAAA 120  
 CTCTAAATGT CTGTGTATTA CTTAAAATTA TACATATTTT GCTTATATTT TAGCATATTT 180  
 50 TGTTTAAACC TATATTACAT TATATCAGAC GTTTTCATAC ACAAATAATA ACATACAAGC 240  
 AAACATTTTCG TTTATTATTT ATATCACTTA ACTAATTAAT TTATAATTTT TTATTGTTTT 300  
 TAAGTTATCA CTTAAAAATC GTTTGGCaAA TTCGTTGTGA CGCTTGTCCA TCTTCTAATG 360

TTTGTTTTAA TGCATCAATG AGTGCTGTTT GATTTTCAAC AATTGGACCT GGCAACTCTT 480  
 TTTTATAATC CATGTAAAAA CCTCTAAGCT CATCGCCATA TTTATCTAAG TCATATGCAT 540  
 5 AGAAAATTG CGGACGCTTT AATACACCGA AGTCGAACAT GACAGATGAG TAGTCGGTAA 600  
 CTAACGCATC GCTGATTAAG TATAAATCCG AAATGTCTTC ATAATCTGAA ACGTCTTTCA 660  
 10 CAAAATCATC ATGTTTCATCA ATACGTGTCA CAACTAAATA ATGCATGCGT AAKAAAATAA 720  
 CATATTCATC ATCCAGCGCT TGACGCAAAG CTTCTATATC AAAGTTAACA TTAAATTGAT 780  
 ATGAACCTTC TCGAATCGCT TCATCGTCAC GCCAAGTTGG CGCGTACATA ATCACTTTTT 840  
 15 TATCTAATGG AATATTTAAT CTTGTCTTAA TACCATTAAT ATATTTCAGTA TCATTGCGTT 900  
 TATGTGATAA TTTATCATTT CTTGGATAAC CTGTTTCCAA AATCTTATCT CGACTAACAT 960  
 GAAATGCATT TTGAAATATC GATGTGGAAT ATGGATTAGG TGACACTAGA TAATCCCACC 1020  
 20 GTTGGCTTTC TTTTTTAAAG CCATCTTGGT AATTTTGAGT ATTTGTTTCT AGCATTTTAA 1080  
 CGTTACTAAT ATCCAAACCA ATCTTTTTTA ATGGCGTGCC ATGCCATGTT TGTAAGTACG 1140  
 TCGTTCGCGG TGATTATAT AACCATCTG GTGTACGTGT GTTAATCATC CWCCTTTTCG 1200  
 25 CTCTTGGCAT CGCTAAAAAC CATTTTCATTG AAAACTTTGT AACATATGGT ACATTGTGCT 1260  
 GTTGAATAT GTGTTTCATAT CCTTTTTTCA CACCCCATAT TAATTGGGCA TCGCTATGTT 1320  
 CAGTTAAGTA TTCATATAAT GCTTTGGGGT TGTCGCTGTA TTGTTTACCA TGAAAGCTTT 1380  
 30 CAAAATAAAT TAGATTCTTG TTTGGCAATT TTGATAGTAA TTTAAAAGTC GTATATATAC 1440  
 TATGTTCTAT CAATTTTTTA ATTGTATTTT TAATCATGTC GTACCTCCGA CGTGTTTTTG 1500  
 35 TAATTATATT AATATGTATG AGC 1523

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 551:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4923 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 551:

CAGTAAGAGA TTTTCTTAAT TGAAAATAAT CTTACTGCTT TTTTAAATT AATTTCGAGA 60  
 TTCAATATTA GTTTATCTCA TTGTGGCATT AATTGATAAA ATTGTTTTAA TGTTATAAAT 120  
 50 CAAAGTCCTC TTCAACAATT TCAATGTCTG CATCAGATCT ATGATATGTG AAAAAGCTAA 180  
 TTCTTATGCG GTCTAAATGC TCTAAATGGT GTCGATACTC TTCGATGGCT GCAACAATTT 240

## EP 0 786 519 A2

	ATGTGGACAA TAAATCTTTT TTCTGCGGAT TATCTAACTC ATAATCAACA TGTGTCACAT	360
	TATAACGTGC TTTTITAGAA AGGCTAGCTA AAATTTGCTC GTGAAAAGCA GTTAATGAAT	420
5	CTAAATCTAA TTTGATTGT AATAGGAAAT TGTATTAAAG TAAATATAAG TCGTTTTGAT	480
	AACGCGACAA TTTGTTTAACT ACTTCATAAG CTTGTCTAGT CGTCTGAACT ACTTCTCTGA	540
	AAAGTATTTT CTTTCTATTC TGTGTTGAA TATGTTTTTT TGTAATAGGA CGTTCTTCGC	600
10	TATAGTAATC ATAAATTTTC TCTAACTTTT CGACACGTTG TTTTAAATTA TGACTATCTT	660
	GTTTAATATT ATTAACTCC GTCGTATCAT TTAATACTAA TTTAAACCAC ATAAAAATAT	720
15	CTGAGGATAT ATTTAATGAA TTATAGTAAA TTTTGTTC AAATTTAGGT GGTAGAAACA	780
	CAAAGTTAAC TAGAGATGAA CTTATGACAC CAATCATTAC AAGTACAAAC CTGTAAAAGG	840
	CGGTAATATA GAAAGAACCG GTATGTTGTC CCATAATGAT TAATGCTGTT ACACTCGCCA	900
20	AAGTAGCAAC ATGTGCTAAA TTAAATTTAA ATAAAATAGC AATAAGTACT ATGACGGTAA	960
	CACCCATAAT GATAAAATTA TCACTAAAAA TTGTTACCAT TGTAACAGAT AGTATGGCAC	1020
	CTATAATGTT ACCCAATGCT TGATCAGAAA CTGTTTTTAA TGAACGATAA ATACTAGGTT	1080
25	GCATTGCACA ACAGCACTGA CACCAGCTAA GGCTTTCAGA CCAACATCAT CCGGTAGTAA	1140
	AGAAGCGATA GACATAGCTA AAATAATGGC TATACCAGTT TTAAAAATCC GAGCTCCTAG	1200
	TCTCAAAAAT AATGACGCCC CTTTAAAGTT TATTGAATAT CTAATATTCG TATTCATTAC	1260
30	TGTTATACAC TTACTAGTTA CAAAATTCAA GCTTATTTAT AGTTGTTAAA ATAAATCATA	1320
	CATAATACTG ATAGCGATGT AAACTTTAG TCAGAGATTA AAATAGTATA AATTTGTAAA	1380
35	ATAAAAATCT ACATAGTGAC ATATCAAGTT AAACGTTAAT AGTTAACGAT ATAAAATGAA	1440
	TCTACTATGT GAGCATTTGC TTTATTTTAA TTCAATTAAA AATATACTTC CTTAAAAGTT	1500
	ATTTCAATTG ACTAAAAGCA TAGTCTGCAG CTTTAAAGT TTGTTTAAATA TCTTCTCTG	1560
40	TATGTTTCAGT TGTTAAGAAC CAAGCTTCAA ACTTAGAAGG TGCTAAATTG ATACCTTGAT	1620
	TTAACATTAA TTTGAAAAAT TTACCGAACG CTTGCGCGTC AGAATGTTCA ACTTGATCAT	1680
	AATGTGTGAC TTTTTCATCT GTAAAGTACA ATGTTAAAGA TCCATAAATA CGATTAATTG	1740
45	TAGCTGTGAT ATTATGTTTT TCGATTAATT TAAGTAAACC TTCTTCTAGT TGTGGCCTA	1800
	AGCTGTCTAA TTTTTCATAA ACACCGTCTT GTTCTAGTAC TTCGAGTAAT GCAATACCTG	1860
50	CTTTCATAGA TAACGGGTTA CCAGCCATTG TACCAGCTTG ATATGCAGGT CCTAGAGGTG	1920
	CTACTTGTTT CATAATATCT TGACGTCCAC CATAGCCTCC AATTGGTAAA CCACCGCCAA	1980
	CAATTTTACC AAATGCAGTT AAATCAGGGA TAACACCTAA TAAATCTTGA GCGGCACCGT	2040

55

	AAATTTTCATT AACCTCTTCT AAAAATCCAG GTTGAGGCAT TACCATTCCA AAGTTACCAA	2160
	CAATTGGTTC TACTAATACT GCGGCAATTT CATCACCCCA AAATTCAATT GCTTCTTTAT	2220
5	AGGCGTTAAT ATCATTGAAA GGTACAGTAA TGACTTCACG TGCGACGCTT TCTGGAACAC	2280
	CAGCTGAGTC TGGAGAACCG AGCTGAGATG GGCCGCTACC TGCTGCAACC AATACTAAAT	2340
10	CAGAATGGCC ATGATAAGAT CCAGCAAATT TTATAATTTT ATTTCTTTTA GTATATGCAC	2400
	GTGCAACACG AATTGTTGTC ATGACTGCTT CTGTTCCAGA ATTTACAAAG CGAATTTTCT	2460
	CAAGAGATGG AATTGCATCA CGTAATTTTT TGCTGAATTC AATTTCTAAT TCAGTCGGTG	2520
15	TACCAAATAA AACACCTTTA GCAGCTTGTT CTTGAATTGC TTTAGTAATA TGAGGATGTG	2580
	CATGCCCCGT AATAATTGGA CCGTATGCTT GAAGGTAATC AATAAATTTA TTGCCATCGA	2640
	CATCATATAA ATATGCACCG TGTCTTCTT TCATAACAAC AGGTGCACCG CCTCCTACAG	2700
20	CTTTATAAGA ACGAGAAGGG GAATTGACAC CGCCTAGAAT ATATTCGTTT GAAAGTTGTT	2760
	GTAAACGTTT ACTTTCACTA AAATTCATTT ATATCAACCT CTTTTAATTT AATATTTTCA	2820
	TCTAATATCG TATCATAAAA TTATTATAAT GAAGAAAAAG GTGATTATAT GTTGCAAAAA	2880
25	GGAGAACAAT TTCCAATATT TAAATTAGAA AATCAAGACG GAACTGTCAT TACAAATGAT	2940
	ACATTAAAAG GTAAAAAGGC GATTATATAT TTTTATCCTA GAGATAATAC ACCTACTTGT	3000
30	ACCACAGAAG CTTGTGACTT TAGAGACAAT TTAGAAATGT TCAATGATTT AGATGTTGCA	3060
	GTATATGGTA TAAGCGGTGA TTCAAAGAAA AAACACCAAA ATTTTATTGA GAAACACGGA	3120
	TTGAATTTTCG ATTTATTAGT AGATGAAGAT TTTAAATTAG CTAAAGAAAT GCGGTATATC	3180
35	AGTTAAAAAA ATCATTGTCG AAAGAAAGTA TGGGCATTGT AAGAACGACT TTTATAATAG	3240
	ATGAACAAGG TAAAGTATTA GATGTTATCG AGAAGGTTAA GGTAAAACA CAAATAGAAG	3300
	AACTTAAAAA CATTTTGGGG TGACATATAT GAAAGTTGTT GGGTTAAATC GTATGCGTGA	3360
40	AGTTGAAACT GAATTACAAC AACGCTTTTC AGATTTAGAT TTTAAATTTT ATAAAAAAGC	3420
	ATCAGAAATA CCTGAGAGCG ACTTGGCTGA TTTAGATATA TTAGTTGGTT ATGATGGCGG	3480
45	TATCAATGAG GCATTTTTAC GACGTTGCCC GAATTTAAAA TGGATTGCAT GGTTTGCAAC	3540
	GGGTGTAAAT ACATTGCCGT TAGATTATAT TGCAGATCAC GGCATACTTT TAACTAATGG	3600
	AAAAGGTGTT CAAGCTAAAC AATTATCTGA ATACATTTTA GCTTTCATTT TAGATGATTA	3660
50	TAAAAAGATG AAACATCAT ATGATAACCA ACGACAACAT ATATATGATT CGAAAATAAC	3720
	TGGTAAACGC CTATCAGGAC AAACAGTTTT ATTTTATAGT ACAGGTGCAA TTGCTACTAG	3780
	AACTGCGAAG TTAGCAAAGG CTTTTAATAT GAATTTAATT GGTCTGAGCA AGTCAGGTCA	3840

55

TGCTGACATT ATTATAAATG CTTTACCAGA AACGCAAGAA ACGATTCaTT TaCTAAAGAA 3960  
 AAAACATTTT GAATTAATGA AAGATGAAGC ACTTTTTTATA AATATAGGAC GAGGTAGCAT 4020  
 5 AGTTAAAGAA GCGCTCTTAA TAGAAGTATT AAAAAGTAAA GTTATTGAC ATGCATATTT 4080  
 AGATGTGTTT GAAAATGAAC CTTTGAAACC TAATCATGAA TTATATGAAT TGGATAATGT 4140  
 10 AACTATAACA GCGCATATAA CTGGTAATGA TTATGAAGCA AAGTATGACT TATTAGATAT 4200  
 TTTTAAAAAC AATCTAGTTA ATTTTCTCAA TAAGAATGGT CTAATTGAGA ATGAAGTTGa 4260  
 TGCTAAAAAA GGCTATTAAA TGArATCATC ATGTAAATAT TGACACGCGC GCAATACTAC 4320  
 15 AGTTATATTT aTAGTAAGTt AATaATgATT ATATAAGAA GATGGTgATA TAGATGAGTG 4380  
 TTGAAATAGA ATCAATTGAA CATGAAGTAG AAGAATCAAT TGCATCATTG CGACAAGcAG 4440  
 GCGTAAGAAT TACACCTCAA AGACAAGCAA TATTACGTt TTTaATTTCT TCACATACTs 4500  
 20 ATCCAACAsC TGaTGaAATT TATCAAGCAC TTTACCTGa TTTTCCAAAT ATAAGTGTtG 4560  
 CGACAATATA TAATAACTTA AGAGTGTTTA AAGATATTGG AATTGTAAAA GAATTAACAT 4620  
 ATGGAGACTC ATCAAGTCGA TTCGACTTTa ATACACATAA TCATTATCAT ATTATATGTG 4680  
 25 AACAATGTGG TAAGATTGTT GATTTTCAAT ATCCACAGTT AAATGAAATT GAAAGATTAG 4740  
 CTCAGCATAT GACTGACTTT GACGTAACAC ATCATCGAAT GGAAATTTAT GGAGTTTGTA 4800  
 AAGAATGCCA AGATAAATAA TTTAACTTTG GTAGTATGAC AAATTAAAA AGCGTTACTw 4860  
 30 ACTTCATATA AGTAAGCGTA ATATTTAAGA nGTTAAACGA CATGaAAGTt GTTTAACTTT 4920  
 TTT 4923

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 552:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 917 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 552:

45 TCCGGCTTTA AAAACTTTTC CCAATTCCAG CTTGGGCCTT TGGCATTAAAT ATTAACCTCC 60  
 TGGTTCGGAT TAATTGGGAA CCTAACnTT TAGGCAATAA TTGGTTTAGG CAACTTCCAA 120  
 50 ATTGGTGGTT CAACCAACGT CTTGGATAC CyTGcTCATT TAATTCTAAA ATGgTyrGAA 180  
 CGCATTTTGG TACCCAAAAt GgTGACGTTT GTTTGCACGG TCTAATAAAT TGTCTAAGTT 240  
 GTCGATTGGT TTCATTAATT GAaCACCATT TTGCTCTTCA GCAAGACCTT TGTCTACTTT 300

GCGATCCATT GTTTGTTCGA AAAGAATAGC ACCCAAAATT TTATCTGGTG AGAATGAAGG 420  
TGAAGTTACC ACACGTGTAC GCATATCGTG AACAAAGTTGG AACATTTCGT CTTCAATTGCT 480  
5 ATATTGATCT TCGTTTACAC CATATTCTTT AAGTGCTTTT GGTGTACTAC CACCACTTTG 540  
GTCTAATGCG GCAATAAAGC CTTTCCATT TTTCATTTTT TCTAATTGCT CTTTATTCAT 600  
ACTTTCCTACT CCTTAACTTT TCAATACACC TCCAGTATGA TAAAAATGAG AACATTTCTC 660  
10 AAGTCATAAA CCTTGAAAAG TGTATAAAAT GTGAAAAATA ATTGTCAGTT TAATTAAAAA 720  
TATTATTTTA TTCTAGGTAT GACTAACGCC ATTAATGACA TAAAGAAAAT ATGTGTAATA 780  
15 ATCCAACCGA TTAATTCTGT CACTACTAAAT TGAAAAATTG GACGTTGCGC AATAAATACT 840  
AAAAAGGGAT ACAATGCTAT AAATAAGAAA AATAAAGGGA TATAACATAG ATAGTAAAGC 900  
CTTTTAGAAG TATGAAA 917

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 553:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 432 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
25 (C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 553:

30 ACTCCCATAT CCACTGGCAA GATTTATAAT TTGTAATTCT AAAGTATAAT AGCCTATATT 60  
TTTCAAAATC TCTTTTTTTA TGATTAACAT CCCTCTAAGT GCACCTAAAG GTTTTTATGT 120  
35 AATGTATTAA ATATTTCCAT TTATACATAT ACATCTTGTA TAAAAAGAAA GAACTCCATA 180  
TATACTCAAA AGGTATACTG AAGCTCTATA TATTATATAA AATTATTATA CTATTTTGAA 240  
AAACATAAGT AAATCACTAA ACATGATTTC TTTCACTTTT AGAAACTTT TAATACTATA 300  
40 AAAGCACCCA CTCAGTCACT AGTTTGGGCA GTTATTGTAT GCCTATTGaa CTCAATGCgT 360  
ATATTACAAT ACCTTTTTtCG CATATTCATA TAAGacTTTG CATCTTTAAG CTTAATTGCT 420  
ATCTCTTTCT CT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 554:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 1374 base pairs  
50 (B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear



TTTTGCTTTA TGTTAAATGG ATTATTaTTA GAATAAAAAA TCGGTGATGA GCTAAAAAAG 60  
 TGTGTAGGAT GTTTTCCKAA CCCAATTTTT ACATCCGAAG ATATCGAACA ATATCTTCCT 120  
 5 ACTTCTACAT TATTAAATC ACTACCAAAT CCAATATAAC TGTATTCACC AATGTGAGAA 180  
 TTCCTGATTT TACACCATCT ATCTATATAG TTATTGCCAT CAAATTTTGA GTTTGTAATA 240  
 TACGCCAAGC GATGAATCTT AACATTGAT TCTTTAGAGG ACTGGTTTTT CAGCAAACCA 300  
 10 ATTATCTTTT CAATCGCTAT CCTCATCGTC ATTTCTCCA AGTATTTTGA TTGATAATAT 360  
 CTTTATAGCT TTGAATAATT TTAACACCT TTGTCGAAAC GTTAGTGTCT TTATAATCAA 420  
 15 TAGCATCAAT CATCGGTTTCG TTATTGTTTT GCATCTCTCT TGCTAGTTCA ACGGATTGGA 480  
 TTAGATTGTT ATAGGTAATA CCACCTACAA TAACCGTACC TTTATCTAGT ACTTCCGGTC 540  
 TTTCTGTGGA AGTTCGAATA AGGACACCAG GGAACCTCAA AATAGACGAC TCTTCTGACA 600  
 20 ATGTTCCACT ATCTGATAGC ACAACAAATG CATCTTTTTG CAATGCATTA TAATCAAAGA 660  
 AACCAAATGG CTTTAACTGT TTAACAAATG GATCAAATC AAATTTACTT TCTTCAATTT 720  
 TCTTCCAAT TCTTGGATGC GTTGAATAAA TCACAGGCAT TTTATACTTT TTGGCAATAT 780  
 25 CATTTATCGC ATTCATTAAT GATTTAAAT TCTTTTCATT ATCGATATTC TCTTCTCTAT 840  
 GCGCAGaTAC TAAAATGTAT TGTTGCGGTT CTAATCCTAG TTTATTTTAA ACGTCACTGT 900  
 GATTAATTTT ATCTCGATGC GCTTCTATCA CTTCTGTCAT CGGTGATCCT GTyACAAAGA 960  
 30 TATTCGCTTT ATTGAAGCCT TCATCTAATA AATAACGTCT GCTATGTTCC GTATAAGGTA 1020  
 GATTACATC ACTGACATGG TCAACAATTT TACGATTGAT TTCTTCAGGT ACATTCTGAT 1080  
 35 CAAAGCATCT ATTACCCGCT TCCATGTGGA ACACAGGAAT CTTTAATCGT TTAGCAGATA 1140  
 CTGCTGCTAA ACAACTATTT GTATCACCAA GAATTAAAG TGCATCTGGT TGTTGCGGTA 1200  
 ATAAACATC ATATGTCTTC GCAATAATAT TCCCCAtCGT TTCTCCAnGt TACTTCCAAC 1260  
 40 TGCCTCTAAG TAGTGGTCCG GTTGTCTTAA TTCCAAATCA TCAAAGAAAA TTTGATTCAA 1320  
 TGTATAATCA TAATTTTGAC CAGTGTGTAC TAATATCTGA TTAnAAATAT TGAT 1374

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 555:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1472 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 555:

TTACCTCTAG GCATGTCCCT TTCACGGTTT GCTTATGATA ACGTTATCGA CATTGTAAAA 120  
 TTGTCCTTTT TGA AAAAATA ATTCTGGTGA GATAGACGCT ACTTGGaTTT CaTCaGTTTG 180  
 5 TAAtAACGCA GtATAAtTAC CaTTACTAAA tTGaGTTAAT CGTTCaTATA AAGTACTAAT 240  
 AGGATAATAA ATGTTATCCG TTAAGCGCGC CGTATAGTTC ACTTGATACG TTTCGCCTTC 300  
 AACAAATTGCT TGTGGGACAC GTTTAATATT AGTCATCATA ACCTCAGAAG ATTCAACAAA 360  
 10 TGA AAAATGA TACTTTGATA CATAAGAAGT TTGATGTTCA TATGTTGAAT TTATGCTTTC 420  
 CGCTTTTTTCA AAActATAAG CTGCTGCATA AATATCATCT TTAGCTAATG AATGTGTACA 480  
 15 CATAGCATGA TTA AAATACT TTGCCGCTTC GTA ACTTAAA TATAACGAGA CATATCTACC 540  
 TTGTGCTKgt GCGCTTGTGC AAAGTGTATC ACTTCTCCA CATCAGCCAA CTTAGTAGCA 600  
 ACATACTTCT TTATAAATCC CTTTAATTGA ATATGGTATT GCTTATATTC ATTTTCAGTT 660  
 20 AAATAGTAGC GATAATTATA TTCTATTCTC ACAGTAATCA CCTACCTTCG ATAAAAATAA 720  
 TTCAACTTGT CGATAACCGT ATTCACTCAA AATAGATTCA GGATGATATT GCACACCAAA 780  
 AACCGGAAAT CTAATATGCT CAAATGCCAT AATAATCGCT TCATCGTTTT TTGCTGTAAT 840  
 25 CTTTAAGCAA TTTGGAAAAG TCGCTCCGTC AGCAATTAAT GAATGATAAC GCATTACATT 900  
 GAAATTTTGA GGCAGTCCTT GAAAAATACC TTCATTGGTA TGGCGTAACT GTGTAGTATG 960  
 TCCGTGTACA GGATGATAGC CGTGAATGAT ATTTCCACCA AAATAAGACA CGATACATTG 1020  
 30 AAATCCTAAA CATACACCTA GTATAGGTAC ACGCTGATAA AATTGTTCTA ACACTTCATT 1080  
 CAAGATAGGA TAATCATCCG GaTTACCCGG CCCAGGCGAA ATAACAATTG CTTTTGGCTT 1140  
 35 CATATTAATG ACGTCTTCTA TCAGCAGATT ATCAATACCA ACAACTTGAA CTGTTAGTTT 1200  
 CGTTTGAGTC TTAATATAGT CTATTAAATT ATATGTAAAT GaATCATTAT TATCTATGAC 1260  
 TAGAATCATT GTATACTCCG TTCTAAATGT GTTTTATTTT TATAATATGT ATTGGATGTA 1320  
 40 GCTAAAACTT TAAAAGCATT GTCATTATCC TGACCTTGAT TTAACTAAT ATATGGTATA 1380  
 TTCTATTCAT CGTACATAAA TGAATATCAG AGGTTCCCTAG CTGAAACCCT CTATAAAAAA 1440  
 CTAGGCCATT GAAATTTCAA ACATTCGTTG GG 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 556:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1054 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	AGAACAGCAA GGATTACTTA CTGAGGAATT AAAGAAGGAT ATTTTAAAC AGAACAAATT	60
	ACAACGTGTT GAAGACCTAT ATAGGCCTTT TAAACAAAAG AAAAGACAA GGGCAACTGA	120
5	GGCGAAACGT AAAGGGTTAG AGCCATTAGC GATATGGATG AAGGCACGTA AACATGAAGT	180
	CTCAATTGAA GAAAAAGCAC AACAATTTAT AAATGAAGAA GTGCAATCGG TTGAAGATGC	240
	TATCAAAGGT GCACAAGATA TTATTGCGGA ACAAATTTCA GATAATCCTA AATATAGAAC	300
10	AAAAATTTTA AAAGATATGT ATCATCAAGG TGTGTTAACT ACATCTAAAA AGAAAAATGC	360
	TGAAGATGAA AAAGGTATTT TTGAAATGTA CTATGCATAT AGTGAGCCAA TTAAACGCAT	420
15	TGCTAATCAT AGAGTTTTAG CTGTTAATCG TGGTGAAAAA GAGAAAGTAT TATCTGTAAA	480
	GTTTGAATTC GATACGACAT CAGTAGAGGA TTTCATTGCA CGTCAAGAAA TCAATCATAA	540
	TAATGTAAAT CGCAGTTATA TTTTAGAGGC GATTAAAGAT AGCTTGAAAC GCTTAATTGT	600
20	CCCTTCGATA GAGCGTGAAA TCCATGCTGA TTAACTGAA AAAGCTGAAA ATCATGCAAT	660
	AGATGTTTTT AGTGAAAAC TAAGAAATCT ATTACTGCAA CCTCCAATGA AAGGTAAACA	720
	AATATTAGGC GTAGATCCAG CATTTAGAAC AGGTTGTAAA TTAGCAGTCA TTAACCCATT	780
25	CGGTACTTTT ATAGCAAAAG GTGTGATTTA TCCGCATCCA CCAGTTTCTA AAAAAGAGGC	840
	AGCAGAGAAG GATTTTGTAC AAATGGTTAA AGCGTATGAT GTGCAATTAA TTGCAATTGG	900
	CAATGGTACT GCAAGTCGTG AAACAGAACA ATTTGTTGCA GATTTAATTA AAAAGCATCA	960
30	GTTGCCAGTA CAATTCATCA TTGTCAATGA AGCGGGCGCT TCAGTATACT CAGCATCAGA	1020
	AATTGCTAGA GATGAATTC CTGATTTTCA AGTG	1054

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 557:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1057 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 557:

45	AAATGTCAGA ATACAAGAAA AAAATAATTG AATTAATTGA AAGTAATTTA ACAGGATATG	60
	AAATTTCTAA AAAAAGTGA GTTTCTCAAT ACGTACTTTC ACAATTAAGA CAGGGCAAAC	120
50	GCGAAGTAGA TAATCTAACC CTGAATACAA CAGAAAAATT ATATGAATAT GCCAATAAAG	180
	TTTTGTAATT TAACTAATGT ATAAATTAAT CAAGCTATGT TTATTTGATT TAACTATTAA	240
	TAAAAATCAT ATGGTGAATG GATATTATAA TAATTAAAT AAAAAATAG TAGATTCCAA	300

55

AAGGGAAAAT AAGTGTTAAG TTTTAAATGA TAAAAAAGAT TGGAAATGGAT CGTCTTGAAA 420  
 TGCTCCCTTC AAAGTTTTCA TTTTTCATG GTCGACTTCG AAGGGGGCAT TTTCATTAAA 480  
 5 TTGTTATAGC TTTTATATATT TGTATAATGA ACATATAAGT TTAAGAAGGT GCGAGTGAAG 540  
 GAAATAAAAA AGCTCAAATG TACCAAATTG TTAATCTTAA TAAATCTCTA CTTTATAAAG 600  
 ATTGAATGGA CATTGAGCG TTAATCAGTC AGGAGGGACT TTCCCTCCTA CAATTTAATA 660  
 10 ATAATACTTG CTTCACTACT ATACAAGGAG TGAGTTGTTA TGTTCAAAGT GAATTATTCG 720  
 ATTTTAAGTT ATTATCCAGA ATATAATATC GCAGTAAGTT GGCAACGTTT AAGAGAAGGA 780  
 15 AAAACAATAA AAAACAAGAT TTAATACTGC TCGTCATGA GCGCCTTGAA CATTATTTGA 840  
 TGAATAAGTA TAATTTCAAC TATGATTATG CACATAAAAT TGTATCAAAA AAATACGATT 900  
 ATTCAATTTT TATAAAAAAG AAGGTGGATT AAATGCTTAC ATTAATAAAA TTGGAAAGAA 960  
 20 GATGaACAGG tTATAATATA TGraTATATa CCTGaAGATG aTATAAGTAC CGGGTAAAGG 1020  
 GTCCCGTACC TTTTAAATTA AAAAAGTTCC AGGGGGT 1057

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 558:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3754 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 558:

35 CTGTGCTGTA TTTACtTTAA TTTGACGACA TTTGAGAAGT ATTATGATGG nTGTA GTTAT 60  
 TTTATGAAAG TAATGTATTA ACAATCGAAT TACTAAGTCT ATATTGGTAG GAATATCGAT 120  
 GTTTAGTTTA AATGGAATGC ACTATTTAAG TTTTAAATAT GGAGATGTTT GTGACTTTTC 180  
 40 GATGATTAAG ATTTTTATAG GTGTGCATCA TTTCAAATAA ACTTTGTGTT TAAAATTGAG 240  
 CTTAGGAAAT CGATAGGTTT AGATGAGGAT ATTGTTGAAG TTATGTGTCT TGTATCCTTA 300  
 GTTGTATATAA AAGCGCAAAA AATAGCACCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG AAAGGATGCT 360  
 45 ATTATTGTAA AACAATAGTT TTAATTTnAT TTTCTGATaT ATCATATGTt ATTcTACCTG 420  
 TATCAATTTT TATCGAATTA TAACCATCAA AATTATCAAC TTTATCATCA AAGTCTATCA 480  
 CTTTTCCAAT TAATATTTTA TTATTAGTAA GCGTTAATTT GACTAATTTG CCTATGTATG 540  
 50 ACTGTAAATT CATATTTAAT CACTCCTTTT TAATATACGG AACTACATGA AAACCAGTTT 600  
 TAGAATAATG AACCTTACCT AATTTGTTTT CAATATATTT ACCATTACCA TAAGATTTAC 660

	AAACTGGAAT ATCAATAAAT TCTTTTTTAG TCATCTTTTC ACTTTCATTA GAATCTATTA	780
	TAGTATAACT TGGTAATAAA GATGAATTAT TTTTCTTATT ATTATATTCA TTTGTGCATA	840
5	AAATATGACG CTTTGTCTTA ACATTATTCA ATTTTCATCGT CATTTTACCA TTACTTATCA	900
	TTTCAAGCAT TTCTTTTTTA GCTTTTGTGA GAAAGGATGC TATTTTGTAA TTATTTTAAT	960
10	AATCTAATAC TTTTATCTC AGTTTCATCA AACGAATAAA CAGCAAATC AGTCTGTATA	1020
	TCTACAACAA GATTTCTGT TCGCTCTCG AATTCATTTT CATAGTCAGT TACAAACCCT	1080
	TCGTATTCTT CATTATTCAA AAGCGTGATA ATAACATCTT TACGATATGC ATCTnCAATT	1140
15	CTCAATACTT TTCACCTACT TATCAATATA AGGTACTATA TGaGcACCTG GTCTTCGAAT	1200
	AATGGCACTT cCCTTTCTGG TTTCAATATA CACATTTTCG ATATGTATTT TTCCAATAAT	1260
	TTGATTAAAA TTAATAATCT CTTTCAAATC AAATCGCTCA TCACTTAATA TTAGATTGCC	1320
20	TGTTGACATT TTTTCTCTTA ACAATTCATT CAATAAATCT ATAGAAAGTA TTGTATAGCT	1380
	AGGCAATTC TTATTATTTA AAATGGCTCT TTTTTTATTT TCATTATATA GGTGATGACC	1440
	TAACATATAT CTATTTTATT TTCCGCAATT TATTTCTATT TTTATTTTAC CATTTTTAAT	1500
25	CATTTCTTTC ATCTGGTTTT TAGCTTTTtC CTGtAATTAT GCTTCTTTTA CTTCTACTTG	1560
	ATATTTACCE TCACGCTCTT TAAAGAACTT GTCCCGCCAA TTGCCAACAT GTGGCACTGT	1620
30	GGTACTTCTA CACCAAGGAT GCATAGGTGG CGCATTCACTA CCTGGTATCA TATCTTTAAC	1680
	TTTAAATATT TTTCCGTTAA GTGAATGACA TAATTTAGAT GTTTTACTAT CTATTTTGCC	1740
	AACATATTTA TATTCGCCAT CTTCAACCAAG TTCTTTTAAA TATGTTAACCT TTTGTGCTTC	1800
35	TGCATTTTCA GTAAATAGTT AAAAAAGCGT ATAAAAATAG CACCACTTTC TCTTTAkCTG	1860
	TCTAAAAAGG ATGCTATTTA TCTTTTGAAT TTGAATTCTT TTTGCTTTT TCTATACTTT	1920
	CAAATTCCTC AACTAATTCT TTAAAAGATT CACTCAATTC TTTTGCAGTT ACATTTCCAT	1980
40	CTAATTGTGA ATCTAACATA ATTAAAATCA TCTCACTTTA TATTTAATCa TATTTATACT	2040
	ATAAAGTTTT TTCAATAATT TTTCAATATG GCTATCATTa ATGATATTAA TATGCGTAAA	2100
	ATATTTAGCA CAAAATTTAC TCACTATTTT ACCATGAAAC CTATTTGACT TGGTAATAAA	2160
45	TTTTACTTGT CCCTTATTAG TAACGATTGT CATTGATTTT ATTGATGGAT GCTTAAAAAA	2220
	TGTAAATAAA TCATATTCTG AAAATCCTGA CTGTCCAGGA TGGTTATGTA ACATAACAAT	2280
50	TGAATTCGGT TTACTGTAA ATAATAATTC GGTGCTTGT TACCCTGGCA CAAAAGATAC	2340
	ACTATCTTGA TTGACATATA CTTTGTGAAA TTTACCATCT TTTAACAAAT AAGCTACTTC	2400
	ATTGCTATCA TTGTTTTCCA TGAGATATAC CTCCGTTTAT AGtCTGTGGA CTGATATTCC	2460

55

GAAGGTTAAA ATTTTAAAG TAAACTTTCT TTATCCCAT GCTACGAGTT CAGATTCAGG 2580  
 AAATAGCCCT TTACTAGTAT TTATGTATAT TCTGTCTATG GCATGAATAA AATAATTATC 2640  
 5 TCTTGATTTT tTTTCTAAAC TAGATTTTTC AGCATTGATA ACTTCAAGAC TATCTATATC 2700  
 CATTGAATA ATACCAGGCT TAATATTTTC ATCATTATTA GGAAAATATT TATATGTAAC 2760  
 ACTTTTATCA TTAATTTCTT TTATTTTAA TATTAGCAAT CATTTCACC TCTAATTAAT 2820  
 10 TAAAATACTA TAATTATATT TTATTTCTGT AAGTTTATGT GCCTCTATAT AGTGTAAT 2880  
 ATACTTATTC ATTAGATAGT GTTCAAGAGC TTCATGTTTC TACATTATTA TATCCATTTT 2940  
 15 TTTAATATTT TTCCCTTCTC TTAAACGTTG CCAACTTTGA GCCATATAAA AGTCAGGATC 3000  
 AAATGTGTTA AATCCACTTT CTAATAAATA CTTATTTTCA AATATATGTT CATAAACTCT 3060  
 TTGAATTAAA TTTTATTTA TATTAGTATT TTTAGCAATT TTAGAAATCT CTATCTGTTT 3120  
 20 ATCTCGATTT CTAAGTGAAT TATAATAAAT TTGAGCATGT CTGTTCCCTT TGATACCGTA 3180  
 TTCATCACTT TTATTATTAA GTGCACCTGA TTCAATAAAA CAACCTTCTA CTTGATATTT 3240  
 ACCTTCACGC TCTTTAAAGA ACTTGTCTCG CCAATTGCCG ACATGTGGCA CTGTGGTACT 3300  
 25 TCTACACCAA GGATGCATAG GTGGCGCATT CACACCTGGT ATCATATCTT TAACTTTAAA 3360  
 TATTTTCCG TTGAGTGAAT GACATAATTT AGATGTTTTA CTATCTATTT TGGCAACATA 3420  
 TTTATATTCG CCATCTTCCA CCAAGTTCyT TTAAATATGT TAACTTTTGT GACTCtTCyT 3480  
 30 TTTCAACGAA TAATGAAAAA AGCATATAAA AATAGCATCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG 3540  
 AAAGGATGCT TTAATACCaT GCTATTTTAT AATTTTcGGG AAATTcTTGC TTCTCGATAA 3600  
 35 AGTCTCTTAC TACAGAAAAA GACTTATTAC GATATAACAT AAAATATTCT TCATTTTCTA 3660  
 TTTCAGATAA TGAGAAATCT ATAACCTCTG CATCTTTTTT ATTAAAAGTT ACTGAACCTT 3720  
 TACCGTTACT TATATCATCT TCAGGTATAT ATTc 3754

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 559:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 815 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 45 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 559:

ATTTAACTAA AACTATAaAT AATCAAATGA TATTGGAAGA TATTaGCATA GATATCGAAA 60  
 AAGGTAAATT GACTTCTTTA ATTGGACCTA ATGGTGCGGG TAAGAGTACT TTACTTTCAG 120

55

CTGATTATAA AAATAATGAC TTGTCGAAAA AAATATCTAT ATTAAAAACAA ACAAACCATA 240  
 CTGAAATGAA TATTACGGTA GAGCAGTTGG TAAACTTTGG ACGATTCCCT TATTCTAAAG 300  
 5 GTCGTTTGAC GAAAGAGGAT CATGATATTG TCAATGATGC GCTAGATTG TTGCAACTAC 360  
 AAGATATCAG AAATCGTAAT ATTAAGTCAT TATCTGGTGG ACAACGTCAG CGTGCATACA 420  
 10 TTGCAATGAC AATAGCACAA GATACTGAAT ATATTTTGCT AGATGAACCA TTAAATAATT 480  
 TAGATATGAA GCATGCTGTT CAAATTATGC AAACGTTAAA AATGTTAGCG CATAAAATGA 540  
 ATAAAGCGAT TGTCATTGTG TTACATGATA TTAACTTTGC GTCCTGTTAT TCAGATCAGA 600  
 15 TTGTAGCATT GAAAAACGGA CAACTAGTTA AGTCAGATTT GAAAGATAAT GTCATTCAAA 660  
 GTAGTGTGTTT AAGTGATTTA TATGACATGA ATATTCAAAT TGAACATATA AGAAATCAAA 720  
 GGATTTGTTT ATATTTTAAG GATTGATAAT TTGGAGaCAC TTTAAAGGGG TGATGCGCCA 780  
 20 ATTAAAGAAG GGTAAACGT AAAGCATTTA TTTAT 815

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 560:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 919 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 560:

GAAACGAATA ATAAATTTAC TGAGTTATTA GTTGAAAAAG CTAATAAACA TGATGATGTT 60  
 35 CTCGATAmGT TGATTAATAT TTTAAAATAA GCGATACACA CTACTAAAAT TGTATTATTA 120  
 TTATGTTdAA TTGACnCTC CTAAATTTGC AAAGATAGCA ATTTAGGAGG CGTGTTTATT 180  
 TTTATTGACG TCTAACTCTA AAAGATATAA ATTAGACATT TACAAATGAT GTAAATAACG 240  
 40 CAATTTCTAT CATCGCTGAT AACAATTCAT GGTTTAATAT GCAATGAGCA TATACTTTTT 300  
 AAATAGTATT ATTCACTAGT TTTAACAATC AATTAATTGG TATATGATAC TTTTATTGGT 360  
 TATTTTTATC CCATAGTGTG ATAATTACTA TTTTTCATT CATAATAAAGG TTTAAAGCAT 420  
 45 GTTAATAGTG TGTAAGATTA ACATGTACTG AAAACATGT TTAACATAAT GATATAAGGA 480  
 GTGACGTACA TGATCCGTCT AGGTAAAAATG TCAGATTTAG ATCAAATCTT AAATCTAGTA 540  
 GAAGAAGCAA AAGAATTAAT GAAAGAACAC GACAACGAGC AATGGGACGA TCAGTACCCA 600  
 50 CTTTLAGAAC ATTTTGAAGA AGATATTGCT AAAGATTATT TGTACGTATT AGAGGAAAAAT 660  
 GACAAAATTT ATGGCTTTAT TGTGTCGAC CAAGACCAAG CAGAATGGTA yGnyGACATT 720

55

TATAAAGGAG CTGCTACAGA ATTATTCAAT TATGTTATTG ATGTAGTTAA AGCACGTGGT 840  
 GCAGAAGTTA TTTTAACGGA CACCTTTGCG TTAAACAAAC CTGCACAAGG TTTATTTGCC 900  
 5 AAATTTGGAT TTCATAAGG 919

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 561:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 518 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 561:

ATCATATAAA CCGGCTGCTT CTAAAAACGA AAATACTGTT ACTGGACCTA AAAATTTAAA 60  
 20 CCCGTATTGT TTTAAATCTT TAGATAGTTG TGTTCAGTA TCATCAACTG TGATACGATC 120  
 AGAAGCATGT TCATACTGCA AATCTTTAGG CTTACCATT ACATATGACC ATAAAAATTT 180  
 ACTAAACTA CCATATGCTT GTTCAATTTT TAAATACCCT TGAGCTTGAT TAACAATTGC 240  
 25 TTCTAATTTT TTACGATGAT GAACGATATT TGGAAAAGTC ATTAAGCGGT CGATATCTTG 300  
 AGCGGTCATT TGTGCTACCT TTTCTGGTTC GAAATCATAA AATGCTTCTT CATAGGCTTC 360  
 TTTCTTTTTT AAAATAGTTA ACCAAGATAG CCCAGCATGT TGTGATTCTA ATGCTAAAAG 420  
 30 TTTAAACAAT GCCTTGCAAT CATAGAGCGG TTGTCCCAT ACATGGATCm TGATAGTCTA 480  
 AGTAGACTGG GATCTTTAGT ACCAAATGCG CATTCAAT 518

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 562:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1539 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 562:

CTTATTTAAA AGTAAATCAA TCAATGTATT ATAATCCGAA TAGTCCGCAT AAAGCTGGTT 60  
 TGCaGGCAAA tCAATTACTA CAACAAGCAA AAACCCAAAT TAATGCAATG rTTaATTCAA 120  
 50 AAACAAATTA TGATGTTGTA TTTACTAGTG GTGCActGAA TCCAATAATC TTGCTTTAAA 180  
 AGGTATTGCC TATCGTAAAT TTGATACAGC GAAGGAAATA ATTACATCCG TGTTAGAGCA 240  
 TCCGTCCGTA TTAGAGGTTG TAAGATATTT GGAAGCACAC GAAGGATTTA AAGTTAAATA 300



EP 0 786 519 A2

	CAAAGTCGGT TTAGTAACAT GTATGTATGT AAATAATGTA ACTGGACAAA TACAGCCTAT	420
	TCCACAAATG GCTAAAGTTA TAAAAAATTA TCCTAAGGCA CATTTCATG TAGATGCGGT	480
5	TCAAGCATTG GGCAAAATTT CAATGGATCT CAATAACATA GATAGTATTA GTTTAAGTGG	540
	ACACAAGTTT AATGGTTTAA AAGGACAAGG CGTCTTACTT GTAAATCACA TTCAAAATGT	600
	TGAACCAACT GTCCATGGTG GTGGTCAAGA ATATGGTGTT AGAAGTGGAA CAGTTAATTT	660
10	GCCAAATGAT ATTGCAATGG TTAAAGCGAT GAAGATAGCT AATGAAAAT TTGAAGCATT	720
	GAATGCATTT GTTACTGAGT TAAATAATGA CGTCCGTCOA TTTTAAATA AATATCATGG	780
15	AGTTTATATT AATTCTTCAA CTTGAGGTTT ACCATTCGTT TTAAATATTA GTTTTCCTGG	840
	CGTAAAAGGT GAAGTATTAG TTAATGCTTT TTCAAAATAT GACATTATGA TATCTACGAC	900
	AAGTGCTTGT TCATCTAAAC GTAATAAATT AAATGAAGTA TTGGCTGCAA TGGGATTATC	960
20	AGACAAATCT ATTGAAGGTA GTATAAGATT ATCATTGGG GCTACTACAA CTAAAGAAGA	1020
	TATAGCGAGG TTAAAGAAA TATTTATCAT CATTATGAG GAAATTAAGG AGTTGCTAAA	1080
	ATAATGAAGT ATGATCACTT GCTTGTTAGA TACGGGGAGT TAACATTAAA GGGTTCAAAT	1140
25	AGAAAGAAAT TTGTAAATCA ATTAAGAAAT AATGTAAATA AGTCaTTAAA AGGACTTGAT	1200
	GGGTTTGTCTG TTAAAGGCaA ACGAGATCGT ATGTATATTG AACTTGAAGA CCATGCaGAT	1260
30	ATAAATGAAA TAACATATCG ATTATCAAAA ATTTTCGGTA TTAAATCTAT TAGTCCAGTA	1320
	TTAAAGTAG AAAAAACAAT AGAGGCAATA AGTGCAGCGG CAATTAAATT gCGCAGaATT	1380
	TGAAGaAAAC AGCACATTTA AAATTGATGT GAAGCGTGCC CGATTAAAAT TTCCCCAATG	1440
35	GATACGGTAT GGAATTACAG CGTGAATTG GGGTGGTGCC AGTATTGGAG CACTTCGCCA	1500
	TATTTCCAGT GGATGTCCAA CGTCCCAGnC CCAGGAATT	1539

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 563:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 968 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
45	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 563:

50	ATAnCGTATA CATGTGTTCT TTAAATTTGT GATAAGGAGT TTAGGATGGT TTATTTAAAA	60
	TCAATAGATG CCATTGGATT TAAGTCTTTT GCAGATCAAA CCAATGTTCA ATTCGATAAA	120
	GGTGTAAC TG CAATTGTTGG TCCAAATGGA AGCGGTAAAA GTAATATTAC AGATGCTATT	180

55

ATCTTCTCAG GTGCAGAACA TCGCAAAGCT CAAAATTATG CTGAAGTACA GTTAAGATTA 300  
 GATAATCATT CTAAAAAGCT CAGTGTGAT GAAAACGAAG TTATTGTAAC AAGAAGATTG 360  
 5 TATCGAAGTG GTGAAAGTGA GTACTACATA AATAATGACC GTGCAAGATT AAAAGATATT 420  
 GCCGATTTAT TTTTAGATTG TGGATTGGGA AAAGAAGCGT ATAGCATTaT CTCGCAAGGT 480  
 AGAGTTGATG AAATACTAAA TGCTAAACCA ATTGATAGAC GTCAAATTAT TGAAGAATCG 540  
 10 GCTGGTGTAC TTAAATATAA AAAACGTAAG GCTGAATCAT TAAATAAACT TGACCAAACA 600  
 GAAGATAATT TAACGAGAGT AGAAGACATT TTATATGATT TGAAGGTCG CGTAGAACCT 660  
 CTAAAAGAGG AGGCAGCTAT AGCTAAAGAA TATAAGACAC TTTCACATCA AATGAAACAT 720  
 15 AGTGACATTG TAGTTACAGT sCACGATATT GATCAATATA CAAATGACAA TAGACAATTA 780  
 GATCAACGTT TAAATGATTT ACAAGGCCAA CAAGCAAATA AAGAAGCTGA CAAGCAACGT 840  
 20 TTAAGCCAAC AAATTCAACA ATATAAAGGT AAACGTCATC AACTTGATAA TGATGTTGAA 900  
 TCgCTTAATT ATCAATTAGT AAAAGCTACG GAAGCCTTTG AAAAATATAC GGGACAATTA 960  
 AATGTTTT 968

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 564:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 436 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 564:

TTGTGTGTAT GCATTCAATG TGCTCTGTTT GTAAATGGCT AGCTATATAA TTTAgGATTG 60  
 GAGGATCGTC ATCGACAACA AGACATTGCA CCATAGCTAT AAACCTCCCTT ATCTTTTTTCA 120  
 40 TTTATTATAC ATGTAAAATA TTTTTCGTA AAAAAACAAT TGTTCAATATT GAGTTCATAT 180  
 TTCAACCTTA TACTGACGCT AAAGAAGAAA TAGGGAGAAG TGAATCGATA TGAAATTAGC 240  
 GATAAAAGAG ATTATGTTTT ACAAAATTCG TTATATTTTA ATCACATTAA TCATTCTTTT 300  
 45 ATTAAGTATT ATGGTGTAT TTATTAGTGG TTTAGCTCAn GGGCTTGGTA GGGaGAATAT 360  
 TTCGTWATTT GAACACTTTG GATAATGATG aaTATGtTGT TCaAAAAATG AAAGAGCCGC 420  
 aAATTGaGAA ATCGCA 436

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 565:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2554 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 565:

	ATGTTTTGTC AATATCAATT GTTTGAGATA AATCCGCTTG TATAAACGA ACTTTATCAT	60
10	CATTAAATTT GCTAGTTAAT TCATTTATAT CAGTACGATA ATATTGCACA TAAACTTCAA	120
	ATCCATCAGT TAATAATTGT TTGACTATCT CAGAACCAAT TGAACCAGAA CCACCTAATA	180
	CTAATGCTTT CATTACTTTT TAATCTCCAA ACGACTATCG ACTTGCTGAT CTAAATTTAA	240
15	ATATAACGAT GACGTTTCGT TAATACTATC TAACGTGATA TTTTCAACAA TGTCTAACAT	300
	GTCAAACACG CTAACACCTT CAAAATACAA TTTAGTATAT TGATTAGCAA TATATTCAGG	360
	TGAGTTTAAA CTTGATATGA ATTACCTAT AAATGCTTTT TTCAAAAGTT CAAATGCTTC	420
20	TGCATCTTGG AAATGCTT TTTTATCAG CAACTCATCT AATAATAATT TTTTAAATTT	480
	ATCTGGTTCT TCAGTAGCAC TTGTCACGAT TGAAAACTA TACGTCGGCT CTAGTACAAA	540
25	TTGATAACCA AATGTATCAT CGATAAGTCC TTCGTTTAAT AAATCTGAT AAAAATCTGT	600
	TTCTTCCCA AAAATTAAT CAAAGAATAA TGACATTTCT AAATCACGTT GTACATATTT	660
	TTGAGGCGCT TCTTGTAATG GTTTATTTTT AAAACCAAGC ATTAGTCTTG GTGATTGAAT	720
30	TTTCATAGAT TCAGTAACAA ATGCTTCTTT AACATCCTCC GGTTTCATCA CAAGTCCTCG	780
	TTCGATTTTG GGTTGGTTAA CTTTATTACG AGCATCCTCG TGTGTTTTTA CTATTCGACA	840
	TATTGCTTCA GGATCCACAT CGCCAACAAC AAATAAAACC ATATTTGATG GATGATAAAA	900
35	CGTTTCATAA CATAGATACA AATCATCTTT TGTAATATCG TATATACTTT CTACACTACC	960
	GGCAATATCA ACACGTATTG GATGTTGTTG ATACATTGCA CGCAATGTAT TAAACATTAA	1020
	TTTATATCCA GGTTGCTCTT GATACATTTT TATTCTTCT GCAATAATAC CTTTTTCTTT	1080
40	ATCAACAGTT TCTTTTGTA AATAAGGCGT TTCaACCATT GTAAGTAAAC GTTTAATGTT	1140
	GTTTTCAATA TtATCAGTTG CACTGAACAA GTAGCTTGTA CGATCAAAGC TTGtAAACGC	1200
45	ATTTGCTTGT GCGTTATCTT CAGCAAACGC AGTAAATAAG cTTCTTCTTC TTTTCAAAT	1260
	AATTTATGTT CcTAAAAAGT GAGCAACTCC ATCAGGTACA GTAACAAAT GGTCTTGTCC	1320
	AAGGGGTTTG AATTGATTAT CTAATGAACC AAATTGTGTA GTGTAAGTGA CAAATGTCTT	1380
50	TTGAAAACCT GGTTkGGGGA TAATAAATAA TCGTAAACCA TTTTCTAATt CTTGTTGAA	1440
	tACTCTTTTCG TCTATTAATT CATAATAACG CTCTTTCATT ATTTATCCCC TCCTTTTGTC	1500
	AACACATAGA TtGTATCTAA AAATGCTTTT TCAGCAACAG AAACAATATC TTCGCGACTT	1560

55

TTATGCATAA TCTCTATAAT ACTTTTCGGA CGATCTTCAG ATTCATATCG ATGAGAAATG 1680  
 ATTACTTTTT TAGCTAACTC TAATTTTCTC TCAGTGAAAT CTCCTGCTTT TATTTTTTCA 1740  
 5 AATTCACCTTA TAATAGTGTC TTTTGCAGTT TCGTACTTAT CACTTGAAAC CCCACTCAAA 1800  
 ACAATAAAT AGCCATTTTT GCCATCAATT TGTGAATGTA TAGAGTACGC TAAACTTTGC 1860  
 10 TTTTCTCGCA CTTCAATTAA TAAACAGAT GAAGGATCTC CTCCAAACAT CATGTTAAAT 1920  
 ACAACAAAGG CAGCATATCC ACTTTGTCCA TATTGTGTTG GAAAACGGTA TCCCATATTT 1980  
 AATTTAGCTT GATCCACGTC ATCATATTCA ACAATATAAT CAACTTCTTC ATCGTGTAAT 2040  
 15 TGATGAGTAG AATGTTGGAA TTGATGTTTA TCGAATGGTT TAAGTGCAA TTTTTCACGT 2100  
 ATTTGTTTCT CAACACTTTC AGGTTCTACA TTGCCGACAA CATAAACAGA ACATTGATCA 2160  
 TTATTAATCA TTGATTGATA TGTATGATAT AGTGTTTCAG CAGTAATATG TGGGATTTGT 2220  
 20 TCTAGTTGTC CTGTAGATA GTATTTATAT GCTTCATTTT CAAACATATG GTCGAGTAAT 2280  
 TTTAAAACG AATATTGTGC TTTATTATCT ACCATTGCTT CTATTTTTTT GGCTAATAAT 2340  
 GTTTTCTCTT GGTAAACAAA ATTATCATTG AATGCTTTAT TTTCAATTAA TGGATTCCAA 2400  
 25 ATGATTTCTT GtAATAAATC TAATCCTTGa TTAAATAATG AwTCACCGkT TCyTAAATAA 2460  
 CGkkCaTTAA caATTyCTAA tGAAAAATGtA ATgACaTGCT GaTCCTTGAA TTTTGAAATT 2520  
 30 GTACTATTCA CATACGCACC ATATAAATCG GCTA 2554

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 566:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1424 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 566:

TnTCGCTATT TThAATTGGT TTTGTATGGT TTAAGTTATA TCAATATACA ACAnACCCTA 60  
 45 AAGCTGATAT CCCAGGTATC ATTTTtagTA CGATTGGTTT TGGTGCTTTG TTATATGGTT 120  
 TCTCAGAAGC TGGCAACAAA GGTGGGGTT CAGTAGAGAT AGAAACAATG TTTGCGATTG 180  
 GTATTATCTT TATTATTCTA TTCGTTATTA GAGAATTAAG AATGAAATCA CCAATGTTGA 240  
 50 ATTTAGAAGT ATTGAAATTC CcACATTTA CATTAACAAC AATTATTAAT ATGGTTGTAA 300  
 TGTTAAGTTT ATATGGTGGT ATGATTTTAT TACCGATTTA TTTACAAAAT TTACGCGGAT 360  
 55 TcTCAGCATT AGATTCCGGA TTGTTATTAT TACCTGGTTC TCTAATTATG GGTCTACTAG 420

TTGCTGTAAT GACTTATGCA ACATGGGAAT TAACTAAATT AAATATGGAT ACACCATATA 540  
 TGACAAATCAT GGGTATCTAT GTACTTCGTT CATTTGGTAT GGCATTTATA ATGATGCCAA 600  
 5 TGGTAACTGC AGCTATTAAT GCGTTACCGG GACGACTTGC CTCTCATGGT AATGCTTTCT 660  
 TAAATACGAT GCGTCAATTA GCAGGCTCTA TAGGTACAGC AATCTTAGTT ACTGTAATGA 720  
 CAACACAAAC TACACAACAC TTATCAGCTT TTGGGGAAGA GTTAGATAAA ACGAATCCTG 780  
 10 TTGTACAAGA TCATATGCGT GAATTAGCAT CACAATATGG CGGACAAGAA GCGCAATGA 840  
 AAGTGTTACT ACAATTTGTA AATAAACTAG CAACGGTTGA AGGTATTAAT GATGCATTTA 900  
 15 TAGTTGCAAC GATATTTAGC ATCATCGCCT TAATTTTATG TTTATTTTTA CAAAGTAATA 960  
 AAAAAGCAA AGCTACAGCT CAAAAGTTAG ATGCAGATAA TAGTATCAAT CATGAATAAA 1020  
 TAAATAAAT TAATTGAAGT GTGACTAATC AAAAATTATG TTGTGGGGAC ATGATTTTTA 1080  
 20 AAGTATCGGT GCCAAATATG GTTATCGATA CTTTTTTTAT TTGTTGATTT ATAGAATGTT 1140  
 AGAGGAATTA TATTAAAATT TGGCATTGAC GTAGTAGGTC ATTAATAAAG AAAAAGCAGG 1200  
 AAGTGGGTCA ACGAAATGAA TTTTGTGAAA ATAACATTTT TGTCCCAATC CCTACTATAT 1260  
 25 AACATTATTT TAAACGAGGC ATGCGATTAC GGAAGAATAA GCTTATAACA AGTAAACCGA 1320  
 TGCTACAGCC AAGTAAAATG ATGCCGTTAT GAATAGCGTC ACTTgCTGTA ATCACTTGAT 1380  
 30 CTGGTGGTAC ATTTAAATAA TATTTTTTGA AAACATCTGC AATT 1424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 567:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 676 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 567:

TCTCCCATGT TCTGCTAAAT GACGCATCAC TTTTACTTCA TGAGGCGTCA ATACACGTCC 60  
 45 TTCACCAGCA TTCAAACCGA CAACATTTAA AGGCCCATAT TCAATACGAG ACAGTTTCGT 120  
 CACTTGATGA CCAAAATGTT CGAACATTCT TCTGACTTGG CGATTACGAC CTTCTGTAAT 180  
 TGTAATTTCA ACCAATGTTG TGTMTTATC TTTATCTTGT TTCTTAACTT TCACTTCAGC 240  
 50 CGGTGCGTC ATACCATCTT CTAATTCAAT ACCTTTTCTT AGCGCTTTC CTTCTTCTCT 300  
 CATTAAATAA CCTTTTAATT TCGCAACATA TTTTCTTCTA ATTTGATATC TTGGATGTGT 360  
 CATTAAATTA GTAAATTCAC CATCATTTGT GAGTAATAAC AATCCAGAAG TATCATAGTC 420  
 55

ACGTCCTCTA TCATCAGATA CACTTGTKAT CACTTGAGTT GGKTTATGGA AKAAAATGKA 540  
 AAtTTTGCT TCTAGTTCTA TTTTAATACC TTCAACTTCA ATCGTATCTG ATGGCTTCAC 600  
 5 TTTTGTTCTT AATTCAGTGA CAGTCGTACC ATTCACCTTC ACTTTTCCTT CAGAAATTAA 660  
 AGTTTCTGCC TTACGT 676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 568:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 454 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 568:

20 GAAACGGTTC TACCAAAAAA CAGTAAGGGC TAAACCCAAT CATGGTAAGA CAAAAAGTAC 60  
 AAATAGCCAT GCCCAAGTTG AACTCGCTGT ACGCCTATTT CTTTCTAAAA AGATAATAAT 120  
 AAAAGCCAAT ACTAAATTAA TGATGAATCC AATGGCTAAA ATAATAGTAA ATAACGTTCC 180  
 25 TAAATCGTTT GAAAATGTAA ATCGCATAGT CTTTTCTCCT ATAAAGAAAG GCACAAAAAA 240  
 ACATTTTGCA CCTTTCACGT CATATTATTT ATTCACAGAT AAAGTTAAAA TTGcATTGAA 300  
 TTCTTCTTCA TTATTTGGGA ATGTTCTTTC TTCTATTCTT TTAATAGTAA TATTTACTAA 360  
 30 TTTTAAATTT GTAGCTTCTT CAGAACTTAA AAAAGCATTa ATGTTTTTTTT CTAATAACTC 420  
 KAAAGTCTCA GCTGtAAAAg TTTTAAGTTT AATT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 569:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 894 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 569:

45 ACGATATTAC CACCCTCTGA AATAACATCA ATCATGTGAT CTGTAAAGTC CCAAGGATGA 60  
 CTTGTTGTGA AACGAACTCT TGGAATCGCT ATTTTAGAAA TTGCTTGTAa AAGATCTCCT 120  
 50 AAGTCATATT CTATATCCTG TAAATCTTTA CCATAAGAAT TTACATTTTG ACCTAAAAGC 180  
 GTTATTTCTT TGTAACCTTC ACGAGCAAGT TCACGTACTT CATCTATAAT GTCTTCAGGT 240  
 CTACGGCTTC GTTCTTTACC TCTTGTAAT GGAACAATAC AATATGTACA AAACCTTATCA 300

TCAATAACGT CTCCTTCTTT AGACCATACT TCAACAACCA TTGCTTTAGA TAAGTATGCT 420  
 TCTTCTAAAA TTTCTGGTAA ATGATGAATA TTATGTGTAC CAAATATCAT ATCTACATTT 480  
 5 TGATACGATT TTAATAATTTT ATTCACTACT GACTCTTCTT GTGACATACA ACCACAAACA 540  
 CCGATTAAAA TATCAGGTCG TTCTTTTTTTC AAATrCTTCA AATTACCTAT TTCACTAAAC 600  
 10 ACTTTGTTCT CGGCATTTTC TCTAATCGCA CATGTATTAA TTAAATAAAC ATCTGCAGTG 660  
 TTAATATCAG TCGTkgCTTG aTAGCCTAAT GCyTcmAGTA TACCAGCAAT GACCTCAGTG 720  
 TCATGTGCAT TCATTTGACA TCCATATGTT TTAATTAAAA ATGTACGCTC GTTCCCCATA 780  
 15 CCGCGATATT TTyCATCAAT TtGGgAAATC nCTATTATAA CGAACTTCTk GTtTACnCC 840  
 TTTTTTnCGC TCCTTTAAAA TTAAGGCGGC TGATAAACAG GTCCAAAATA TTAC 894

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 570:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 441 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 570:

TATCAATCCC ACAGCACATG CTGAACAAGA TCAAACATGG GAGAAGATTA AAGAACGCGG 60  
 TGAACCTAGA GTGGGTCTTT CTGCAGATTA TGCACCAATG GAATTTGAGC ATACAGTTAA 120  
 TGGTAAGACT GAGTATGCAG GTGTAGATAT TGATTTAGCT AAAAAAATTG CGAAAGATAA 180  
 35 TAATTTAAAA TTAATAATCG TCAATATGTC ATTTGATAGT TTGTTAGGAG CTCTTAAAC 240  
 TGGAAAAATT GATATTATTA TTTCCGGAAT GACTTCAACG CCTGAACGTA AGAAGCAAGT 300  
 TGATTTTTCA GATTCATATA TGATGACTAA AAATATCATG CTTGTAAAGA AAGATAAAGT 360  
 40 TAATGAATAT AAAGATATcm AAGACTTTAA TAATAAAna GTnGGGGCAC AAAGGGACTG 420  
 AACCAGAAAA AATCGCTCAA C 441

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 571:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1205 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 571:

AAGTCGTTCA TCTTTTTCTA CAAGGGTGTA AAAATAATCA ATCATATCGT ATAACGCTTC 120  
 TTTACCAATG ATGTCATATG GTGTTGTTGT CATTTAATCA CCCATTTTCA AAAATTTACT 180  
 5 GTTACGAACT TAAGTTAATA TATAACTAAT ATAACATGAT TTTAAACATT TGAAAGAAAT 240  
 ATGCATATTT GCCAATTTAA TTTATATTGT TTGAAAGTGT TTCTTTTTTC TTGAAAAAAC 300  
 GTTGAACTTT ATTTAAAGGT tGATGATGTT CGAGGTTTAG TTCGTTtAAT AAAGATtGGA 360  
 10 ACTTTTGTAAC ACCTTGATTA TAGTCTTTAA CTTGGAAGTC TAATCATAA TCCGTAGTAT 420  
 CGAAATACTC ACTTTTATCT AAAACCACTA AATCACCTTT ATATTTAGTT TCTTGCGGAT 480  
 15 ATGTCGTTAA TGCACCAAGT ATTGATAAAG TTGTATCTTT TACACCAAAC TGTTCAACTA 540  
 TAATTTGACG AATGTCATCT GGAAGATTGT CGTTTGAAAT AATCAAGTTC ATCTCTGGTT 600  
 TAATGTGCGAC GATATAGTTG TATTCTAATA GACCAACCTT TGCTGGTGTC TTTAAAGTCA 660  
 20 TTTTCATATTG ATTGTCTTTA ACTCTTATGC GTAGTGCAGA GCGATGTTCC TTTAATTTGA 720  
 AATCGGGTGT ATCAATATAG TAATTGACTT GCTTAmAAAG CACACTGTCT TTAAATATT 780  
 TCTCTTGCAA TTTATTATAG ATTGAtGCAG TTATCATTTG TtTAAATTCT AttTCATGAT 840  
 25 TTGTTGCCAT GATATGTATA CACCTCGTAT CAAATTCAAT TTATCTTAAC TATATTATGA 900  
 ATGACAAAGT TGAATTTTAA AAGTAATTTC CTTTATCTAT TATCAATGTT AATTTGACCA 960  
 30 TTA AAAATAG TGTTGTAAG TGTTTTGTAT TATTGaATTG TGTTAAAATG TTATGGAATA 1020  
 AGAGGAGGAT TAAGCATGsg TTTWTATATT AATGAAATTA AAATTAAAGA TGACATACTT 1080  
 TATTGTTATA CAGAAGATTC TATTAAAGGA TTATCTGAAG TAGGACAAAT GCTCGTTGAT 1140  
 35 AGTGATAATT ATGCCTTTGC GTATACATTA GATGATGGTA AAGCGTATGC TTATCTCATT 1200  
 TTCGT 1205

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 572:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 570 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 572:

50 TGAAGAAATA GCAATGATGA AATGCCGTAT GTTATATGAG ACGGGGTCAT TTCTTGAATT 60  
 AAGAGAAGAA ACAATTGTCT TATTGAAAAC TGGCATACAA CAATATGATG CATTGATGAT 120  
 TTATTACGTG AAAAGTTTGA TTGGTTTGGG ACAATATTTT GAAGCGGTAG AAGTAATTCA 180



ATTTGCTAAG TCAAAATTAA TTGAAGATGA AAAACGATTG ACTCAGTCAT TAGCTGATTT 300  
 TGrTACGTTA TCAATGAGGG AACAGACGCA CTTGATTTTG AAGTTAATAG ACAATGGTCA 360  
 5 TTTTCAATTT CAAGAAACGG TATTATATAT ATkAaaAyCT AATaCGTACa GTtATAACCT 420  
 CATTAGTTTA ATGATTGAGT ATTTAAGGTT CGCAAATTGT ACACAAGAAC TGACAATTGA 480  
 10 AAAGTATGGT ATGGATGTAA CTTTGTACC AGCTAATTTA AAAGGGCTAG AACATACAAC 540  
 ACTTAAAGAA AAAGTTATAC CTAACGTTAT 570

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 573:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 939 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 573:

GTTGAATGGT TAGCAGCTGC AGTTGTATTA TATTTCTGTG GTGTAATTGT TGACGCTCAT 60  
 25 GTATCATTCA TGTCCTTTAT TGCAATATTT ATCATTGCTG CATTATCAGG TTTAGTCAGC 120  
 TTTATTCCTG GTGGTTTCGG CGCTTTCGAT TTAGTTGTAT TACTAGGATT TAAAACTTTA 180  
 30 GGTGTCCCTG AGGAAAAAGT ATTATTAATG CTAATTCTAT ATCGTTTTGC GTACTATTTT 240  
 GTACCGGTAA TTATTGCATT AATTTTATCA TCATTTGAAT TTGGTACATC AGCTAAGAAG 300  
 TACATTGAGG GATCTAAATA CTTTATTCCT GCTAAAGATG TTACGTCATT TTTAATGTCT 360  
 35 TATCAAAAGG ATATTATTGC TAAAATTCCA TCATTATCAT TAGCAATTTT AGTATTCTTT 420  
 ACAAGTATGA TCTTTTTTGT AAATAACTTA ACGATTGtKt ACGATGCTTT tATATGATGG 480  
 AAATCACTTA ACGTATTATA TTCTATtGGC AATTCATACT AGTGCTTGTT TATTACTTTT 540  
 40 ACTGAATGTA GTTGGTATTT ATAAGCAAAG TAGACGTGCC ATTATCTTTG CTATGATTC 600  
 AATTTTATTA ATCACAGTGG CGACATTCTT CACTTACGCT TCATATATTT TAATAACATG 660  
 45 GTTAGCTATT ATTTTTGTTC TGCTTATTGT AGCTTTCCGT AGAGCGAATA GGTTGAAACG 720  
 CCCAGTAAGA ATGAGAAATA TAGTTGCAAT GCTTTTATTC AGTTTATTTA TTTTATATGT 780  
 TAACCATATA TTTaTTGCTG GAACGTTATA TGCATTAGAT ATTTATACGA TTGAAATGCA 840  
 50 TACATCTGTA TTGCGCTATT ACTTCTGGCT TACGATTTTA ATCATCGCTA TCATCATAGG 900  
 TATGATTGCA TGGTTGTTTG ATTATCAATT TAGCAAAGT 939

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 574:

(A) LENGTH: 1059 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: lin ar

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 574:

10	GAATTAATTA AATATTACAC ACAGCCTCAT TTTTCATTTT CAAATAAATG GCTATATCAA	60
	TATGATAATG GAAACATTTA TGTGAACTT AnGAGATATT CATGGTCAGC ACATATATCT	120
	TTATGGGGCG CTGAAaGTYG GGGAAATATT AATCAGTTAA AAGATCGTTA CGTAGATGTG	180
15	TTTGGACTAA AAGACAAAGA TACTGATCAG TTATGGTGGT CTTATAGAGA GACATTTACA	240
	GGTGGCGTTA CACCAGCCGC AAAACCTTCT GATAAAACTT ATAATCTTTT TGTGCAATAC	300
	AAAGATAAAC TACAAACGAT TATTGGTGCG CATAAAATAT ACCAAGGCAA TAAACCAGTA	360
20	TTAACATTGA AAGAAATCGA TTTCCGTGCA CGAGAAGCGT TAATAAAAAA TAAAATATTA	420
	TATAACGAAA ATCGTAATAA AGGTAAGCTT AAGATCACCG GTGGCGGTAA TAACTACACT	480
25	ATTGATTTAA GCAAAAGATT ACATTCAGAT CTAGCAAATG TTTATGTTAA AAATCCTAAT	540
	AAAATAACTG TTGACGTCCT CTTTGATTAG TATATGAAGG TGACTIONTATC TTCATGCACT	600
	TTAATTCCAA ATCAGATTAT TTAAATGATA ATTTTTTAAAG TGTATGATGT ATATAATAGG	660
30	TAAAATTTTC TATATATTTA AATGGAATTG GGAGTAGGAA TGTGACAGAA ATAGTATTTT	720
	ATAAAATTTA TTCtTGTCAC TCCCCAACTT GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTCCGCCAG	780
	CTTCTATGTT GGGGCCCCGC CAACTTGCAT TGTCTGTAGA aTTTCTTTTT GAAATTCTCT	840
35	ATGTTGGGGC CCCGCTATA ATTGAAAAAT GCTTGTTACA TGGGCATTTT CATTGCGTCA	900
	ACTACTACCA ATATAATATT GtAGaGCCTA AGACATTGAT TTATTATGTC TTAGGCTCTA	960
	TTCCCTTCATT TAATGATTAA nTTATTATAG CAATACTTTA TTGTCCCATG ATTAGTGTTT	1020
40	TTTTAATGAG ACATAGTAAC TATAAAGTTT AATAATCGT	1059

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 575:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 574 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 575:

55	GTTTGCTTTA GGTCTGTTT CATATTTATA CTTCGAAGGA TTTACCTTTT TGaAGTCTGG	60
----	--	----

EP 0 786 519 A2

	TTCAACTKGC TTTTATTCT TTTGAAATC AGCTGGTTGA GTAGTTATGA GTTCATTATT	180
	TTTATTAGmA TAAATCTTAC CATTAAACATA TTTATAATCT TTTGTTATAA AGTCACCATT	240
5	TCTGAATGGA ACTACTTGAT TATGACCTTT AGAGAATAAA TCAGTACCGA ACATTAAATA	300
	GTTCTTCGTA TCTATACCAG CCAAATGTAA AATTGTTGGC ATTACATCGA CTTGACCAGC	360
10	ATATTCATTA TTGATACCAC CAGATTTACC AGGGATTTTA ATCCAGAAAC CAGTTCTGTT	420
	TAAATCTGTA AATTTAGCCG GTGTGATTTT TTCACCTAAT AGTTTTTCCA TGGCATTGTT	480
	ATGTTTTCa GAGATACCAT AGTGGTCACC ATAAATCATA ATCACTGAAT TGTCATATAA	540
15	TCCTTTTTTC TTCAAGTCAT TAATATATTC TTCT	574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 576:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
20	(A) LENGTH: 796 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 576:

	CAATGTTTTA TAGTACAATA TATTTTnAAT AATACTCGTT AAGGAGAATG ATATGATATC	60
30	AATTCACGCA ATTTGACAG GAAAAATCCA AGATTGTCCT TATAGCTCGA AAAGACCGAT	120
	GCGCTCTGCT TTAGATAAAA CTAAGATTTT ACAACAACA TGGTTATCTT CAACTGGTTT	180
	CACTGGTGAT GAACAGGCTT ATAAAGATCA TGGTGGACCA CATAAAGCAG TTTGTGGGTT	240
35	TAGTAAGCAT AATTATGCAC TGTATCAAGA TGATTTACCT AACTACCTA CTCATGCGAT	300
	GTTTGGAGAG AATTTAACAT TTGATTATTT AGACGAATCT GATGTTTACT TTGGTAATCA	360
	ATATCGTTTA GGTGAAGCGT TAATTGAGGT TTCTGAAATT AGAGAACCAT ACTGGAAAAT	420
40	TCAAGCAAAA TATAATATTC CTGATTTAGT GAAGCGCATG TCTACATCTG GTAAAACAGG	480
	TTTCTATTTT CGGGTATTAA AACAAGGCTA TGTATCTCCA AATGATCAGC TTTACTTAAT	540
	ACAAGAAGCA CCAATCGAAC ATCGTTTATC TGTACAACAG CTTAATGACC TTTATTATAA	600
45	TGATAGACAA AATCAAGaTA TGTTACGATA TGCACTAAAC AATCCATTTT TGTCACCAAC	660
	AAGACGCGAT AAACCTCAAA AAATGTATAA CAGAACATTG GAAATAATTA CCTTTCATTn	720
50	ATAAGTGTTA AATGAACTTT TCAAAACaNa AAGGAATCAA CTTCACACAT CGTTTGATG	780
	AATAGTCTTA TCTATA	796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 577:

55

(A) LENGTH: 1095 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 577:

10	AGAAATTATG ACAAATATA AAGATGGAAA GTTAGTTTAT GCATCAGTCG AACCAGGATC	60
	TTACGTAATA CATAAGATG ATGCAATTAA ATATGACGAT TATTCTAAGT TAAAAAATT	120
	AAGTCAGCTA ACTAACTTG ATCATCCAAA ACCAGTTCCA TATAGCGTAc TCAAATCAAA	180
15	TCTTTCGGAG TACCTTTAAC AAGCGTTTCA TTTATGACAC ATGGATCAAA GGATACTAAA	240
	GATGAAGTGT TGCCGGCATT GGCCTATTTT ACTTTTTCAC CAAAAAATTA TGAAGACAAG	300
	TCTAATCCAG ATCCAAAAGT TTTAAATTTA GTACATATGG ATTTCTTAAA TGCATCTAGT	360
20	GATTTTGGTA ACGCACATT TGTGTTTTTA AGTAAATATA TTAAAGAGTA TGAATCAAAC	420
	TATGAAACAG CGTCAGATGA TTCTTTAAAA TAGTATTTAC TGTGTGAAAA ATAAATAGTG	480
	TACTACATTA AATAATCGCA ATAATAATCC CGATAAACAA TCAGCATTAC TGCTTATCAC	540
25	ATAGAGTTCG TAATAACTAT AACTCTATGA TTCGCAAATA ATAAATGATT GTCATCGGGA	600
	TTTATTTTTT TCAATTTATA AAGTGACATT ACCTTGTTCA TCAGCAGGTT TGAAAACAGT	660
30	AATCACTGCA CTAATAATTG CTAAAATGTG TGGGATACCT GTCCAACAGA ATATTAAGTG	720
	TAGAATACCT TGCATATTCT TGCCGGCATA AAATTTATGA ATACCAAAC TACCTAAGAA	780
	CAATGCTAAT AAAATATAAA TAACTTTGTT TACTTGCAAT TCTTTCCCTC CAGTTGAATT	840
35	GCTTATAATG ACATTAGCTT CTCTTTTTAT TATACCCACT TTTAGTTCAA ACATTCTAGT	900
	TTAAGCATTC CCAATCATCT AAATTTTCAGT TATTCAATCC TTACAATAAA TTTAGGATTA	960
	CATTTTCAGTT GCATTGTATT ATTTTACGTG TGAAATATAC GTAATGAATC ACATGACAAy	1020
40	CTyCAAATTG AAAATATAC ATTCTATGAT GTAAGGTCGC ATTTTAAATA TATTTACGTn	1080
	AAAATAGTTT GGATG	1095

45

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 578:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 489 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 578:

55

ACTGCCAAAA TAATCATAGC CATGTTCTAC AGCTGCTTTC GCTACAATAT CCAAACGCAT 120  
 TTCAAAACAA GCGGTACAAC GTAAGCCGCC TTCTTTTTCA TCAGCTAATT CTTTATCCTT 180  
 5 CACCATTTTC ACAAACCTTAT GTGGTTCATA AGGTGCTTCA ATATACTTCA CATTGCGACC 240  
 AGTCTTGC GA TTAAATCTT CCACAAATG TTCTTGCACT TTAGCACGTC GTAAGTACTC 300  
 10 ATTTTTCGGA TGAATATTTG AATTGCGGAA ATAAATTGCA ATGTCTGCAT ATTGTGTAA 360  
 AAACCTCTAAT GTATATGTAC TACAAGGTGC ACAACAATA TGCAATAAGa TTTTAGGTCT 420  
 GATTGCTTCT CTTTCCCACT GsCCGATTAA TnTCTTCAAC ACCTTGTTCCA TAATTAATTT 480  
 15 GTnGATTn 489

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 579:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1287 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 579:

CGTACTGCAT CATTTGTTGA AAAATTGCA AACTTCTTCA AGATGTTATG GCTTAGACTT 60  
 30 AAAGCGATGA AGCACTACAA AGCCTTAAAT AAAGAATCTA AGAAGCAAGA ATTTGAAAAT 120  
 TCATTCAAAG ATGTTCAAAA AATTATGCGT ATTGTGAATC ACAATATTAT TTTACGCTTA 180  
 AAAGAAGAAC AAAATAGTAC AAATGTACTT GAGGTTAGCT TAGTCATTAA TCATTACTAT 240  
 35 GATATGAGTC GCTCATTAAA GTGGCGTGCA CAACGTCGAA AAGAACGTCA AGAAAACAGC 300  
 AATCAAATCA TACCGCAAGC TATGTTCCAT AACCACAAAT TGAAGCATT GTACTTACAA 360  
 CGTCATCTTT TAGATGAATT AATTGCAAA AATAAAATCA ACAATATCGT TGCAGCTCAA 420  
 40 ATTCGAGAAA ATATCAATTa CAACGAAATT GTCTTGCTT TACAGTCCAA ACATTaAGCA 480  
 AGaCwTaCaw TmCCCCGTA CATATGAGAC AAAGTCATTA TCATCTCATA TGTACGGGGT 540  
 TTTTATATTC AACATCAAAA AATCAGATTG ATGAAAAGTA AATAACCTTT CATCAATCCG 600  
 45 ATTTGATTAT AGAATCTATT TTTTAAGTTT AAATGGAATT GTACATACGT TAACATTCTT 660  
 TTGATAAATT AAATACAATT TCATACGCAA ACTAGTTTGA TTGTGTAATA AATTATGCCA 720  
 50 ACGTTTCTTA GTAATAAATT CTGGTATCAC TACTGTAATC ATATAGTTTT GATCGTTGGC 780  
 TTTACGATTA ATCTTATCGA TAAACGTGA AATTGGTCGT ATAATACTGC GATATTCCGA 840  
 ATGTAAAATA ACTAATCTTA CATCTGGGAA ATGACGTTTC CATTTCTCTT GGAATGCTTT 900

TCGGTAATAA ATAGACTTAT CAACTGCTGT TGTAATACTT GTTATCGGCA CAATTGCTAA 1020  
 ATTACGATCT ACCACGTCCA CATTAGAAGC ATCAATGTCA GAACGTAATT GTTCTGCGAT 1080  
 5 ATCTCGATAA TGKTTGKTAA TTTTCAAGAA GAAAATCACC ACGAACGGCA AGAAAATAAG 1140  
 TATCGGCCAT ACTTGGCTAA ATTTAGTTAT GAGTAAAATC cATAAnAACA ATAAATGTCA 1200  
 10 CGATACCACC AAGTAAGTTC ACAGACAAC TACTTAACCA ATTCTTAGGA CGTTCATGAA 1260  
 TCCATTTAAT AACCATACCG AATTGTG 1287

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 580:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1223 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 580:

GCCTCCTTTC CTATATCCAT GGGTGTCTTA GTTGGGAATG GCTTATTCCC TATCCCAAAC 60  
 25 ATCTGTCAAT TCAAGACTAT CACTGTATAC TAAATCGCCT nTCTATACnT CCATnCATTT 120  
 CATTTTCCAG TTGGAACAAT TTGTTTAATT ATTTTAAATA TCATTATCAA TCCAGAAGTA 180  
 30 TTTACTATTC ACTTTTACAA TAATCAATCA TTTAACTACA CATGGGTAGT CGGTGGTTTG 240  
 CTTGGGGTTA GCTTTTAAAC TGGCAATTTA TTGTTATTGC CAAAATTAGG TGCAACATTA 300  
 ACTGTAATTG CAACAGTTGC GGGTCAAATT ATTATGGGTG TCATTATTGA TACATTTGGA 360  
 35 TTATTTGGCG CTACAATTCA TGATTTTAAT TTAATTAAAG CAATTGGAGT ATTGTTACTC 420  
 ATTGTCGGCA TCGTCATAAT GAATCAATTT AACAGAATA ATTTATTACT AACTGATCAA 480  
 AAGTATTTAC TGTTTTGGCT TCTATTAGGA TTTATTTTGT GTTCTTTTCC ACCTATTCAA 540  
 40 ACGACAATTA ATAGTGCTTT AGCTAGTCAT ACTCATTAC CAGCCTTTGC ATCATTAGTA 600  
 TCATTTACAA TTGGGTCAAT AGCGCTATTG ATTTTAACCG CTATTTTAA TCGTTCTTTA 660  
 AAACTAAAAA CAAGTCATTT AAAATTCCGT AAATTAAAGC CTATCTATTT TACTGGCGGT 720  
 45 ATACTTGGCA TGGCTTTTGT AACAGCTAAC ATTATCTTAA TGCCTCATAT GGGTGCAGCA 780  
 TTAACAACAC TTATTGGGAT GTTGGCCAG ATTCTAATGG GCATATTGAT AGATCACTTT 840  
 50 GGATTATTTG GTTCACCTAA AATAGCAATG ACATCCAGAA AACTATTGG TCTATTATGT 900  
 ATTTTGACAG GCATTATACT TTAAAGATTA TTTTAAATTA ACTTTTAGCT TATCATTTTA 960  
 ACTTGTAATT ATTTTAAAAA GTGATAAGCT ATTTTTTTGT GGTCTAAAAA TCTTTAGAAA 1020

CAACTCATTTC TTAAGACCTA AATTAATGTT ATnTTTTTAAT AATTACACC AAATTAATAG 1140  
 CAAAAATTAT GTTATTCGTG CTAATATTTC ATAGTTGGTT ATTCAATTAA TTAAAAATAA 1200  
 5 GTCAAAATGC ACAACTTTTT ATn 1223

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 581:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 581:

CACCTTTTTA TCATGCTTAG TTATCAATAA ATCTATATTT TGCTGTTTTA CAATTTTTTT 60  
 20 AACTTTATCA ATCTCATTAT CTTGGACTAA ATAAATATAT GATCTTGCAT CTGTTGCTAG 120  
 AGCTTGTTTCG TGTCTTTCTG ATAAACATA TGTGATGGAA GCGTGAATAA TAATGCCTAA 180  
 TGTAAACAAA CTGATAATTA ATATACTGCT TATCAATAAC ATTAAGCGGT GGTGAAACTT 240  
 25 CATCATTGTT CTTAGGTCT TTCCAATTTA TAGCCTAAGC CACGCACAGT TTTAATAAGT 300  
 TGTGGCTTCT TAGGATTATC TTCTAATTTA TCTCTTAAAT GACTGATATG TACATCAACA 360  
 30 ATTCTTGAGT CTCCTGCAAA TTCATAATTC CATACCGTAT TTAACATATG CTCTCTCGTA 420  
 ATGACTCTGC CTTGTCTTTC TATCAAATAA AGCA 454

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 582:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 452 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 582:

TTTATAAGAT TTTATTTACA AATAATTGGT TTTCATATGT ATAAACACTT TTGACTTTCA 60  
 45 AATCTTAACG ATAATTCTAT TACAATACAA TCCCCTATTA GAATGATTTA TGTAATAAAA 120  
 AAAGCGGAGT TTCCCCCAGC TTTTCTAAAC GACTACATAA AATATAAGAT TGCAATTAAA 180  
 TGCAATAGTG ATGCTATTAC AATAAAAATA TGCCAAATCA TATGAAAATA TGGTCTATTC 240  
 50 TTTTGTGCAT AAAACCATGC ACCAATTGTA TAAGACACAC CACCTAAGAA AATGAATAAT 300  
 ATGAATATCC ATGATGTGCG AATAAAAATA ATTGGTAACA AGATAATACC TACCCAGCCC 360

AAAATCCCCC AAAGTGTCGT TCCCCATAAT AA

452

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 583:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1472 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 583:

CGCTTTTTCG	AATAAGTCAT	TAGCCGCTTT	TAAGCCTTCT	TCTTTTCGAT	CTACAACAAG	60
TAAAATAAAT	GGCTTTAACG	CTTCTTCTTT	TTCACCTTCA	AGCATATCTG	GTTTTTGAAC	120
CATTTCAAAT	GGAGATTTCA	ATCCATTATT	ATCGCTCATT	TCAATAATTG	CATCATACTG	180
TGCTTGTGAC	ATACTTGCAA	TAGCCTGTTT	TGCATTTTCT	TGAAGGAAAT	ATAAGTTTTT	240
CAATTTAGGA	TGCTTATTTA	ATGTACTTAA	TGTAATCGGT	GTAATGTCTT	TCTCATAAGA	300
CACITCAATC	ACTGTACTAT	TTGTTCTACC	AGGAATTGGT	GGTTTTTCAT	GAATATGCTT	360
TGATACTTCT	CCAATTCCAA	CGACAGATTG	ATTTTTCGTT	CGATTATAAA	AAATAATATT	420
GTCGCCTTCT	TCTAACTGAG	TATAAAAATG	ATAACCATTA	CGTTTAATAC	CGTTGTACGT	480
GTGCGTATAA	ATCGTATATT	GGTTTCCAGG	TTCAAATTCT	TCAGTTTCAG	CTAAAAAGAA	540
ATAACGCGGT	ATCTTAATTT	CGCCTTTACC	AAGACCACTT	ATTAAATCAA	ACTCTTCTGC	600
AGTGATTTGA	TTGAACAATG	TCTCTTTCAT	ATnACTTATA	CGAAATTCCA	AAGCTTCACT	660
ACGCTTTAAA	TAATCTGCTG	TTAATGGTTT	CAATTGTTCA	TTAAAACGAA	ACTGTACACG	720
TATTTTATTT	TGTGCACCTG	TTTCAACACT	AATAATTTCA	CCACATCCAA	GTAGTCCAGT	780
ATCCGTCTGA	ACTTGATAAA	AGATGACTTG	ATCTCCTACT	TTAGCCTTTT	TAAACGCTCT	840
AAATCCTTGA	GATGGGTAA	AATGTGCGCC	TGATTCAAAT	AAAGCTGTTT	GTCCTACTAA	900
CGGTTCAATTA	TGATTCCAAC	GGTTATATCC	ACAATTCAAC	CAAAAATAAT	TCGTTTCTGC	960
TGTCATCTTA	ATACTCCTTA	ACCTGAATAA	ATTTTAGAAA	CACTATGAAT	TACATTCTTT	1020
TAGTGTITCT	TATGCAGTTG	GACGCGTATG	CGAACAACTG	TATACCCTTT	GTTCACTGCG	1080
ATTTTAATCG	CATTTTCTAT	AACATTGTAG	CGCCCAGGAC	ATTAATTTAC	GTCCCAGACC	1140
CTTATCGTTT	TCACTTCTAA	GTAAGTCGAA	CTATTTTGCT	TTACAACAAG	TGCGALTCTA	1200
AATACAGTTG	GACACACATA	CGAGCAACTG	TATACCTTTT	AATCAGTTTT	CTATATTTTA	1260
TTTATTATAT	CTGTCTTAAT	GATAAAAATT	GTTACAAACA	GTTTAACATA	TTTAGCTACC	1320



ATGATACCAC TATGCTTGCh TATCTCTATA GCGCCATTGA TACACATTTT TAAATATCTA 1440  
TACTGCCGTT AGAATTTTAT CATGTCThAA TT 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 584:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 787 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 584:

GGTAGTGAAT GGGGTTCAAG ACAACAGTAT TGAAGTACG AATGAATCAC AGTTTTTAGG 60  
AAATTATATT GTAATTAAGC ACGCAGAAAA TGAGTATAGC TTAATAGCTC ATTTACACCA 120  
ATATTCAATC ATTGTGAATG AGGGGCAAAA TGTTAAATAT GGTGATATCA TTGGGAAGGT 180  
TGGGAATTCT GGCAATTCTA CTGAACCTCA TATACATTTT CAAGTAATGA ATGATAAGAA 240  
TATTGAAGCA TGTACATCTT TAAAAATTCTG ATTTATAAAT AATCGAGAAC TTATCAAAGG 300  
GGATGTGGTC TCGGATTAC AAGCTGAATG ATGGCGATAC TTATAAAATC TCGACACTAT 360  
AAAAATGGTA TAGTGTGAG ATTTTCTTGC TTATTTAGTT AATTCAAAGT GCACGCCGGA 420  
TTCATTAGAA GTCGACGTAT TTTTGTGTTGT AATAGAGTAA CCGGTCATTG AAATTTTAGA 480  
TTCAATATCT GAAGCGGAAT TTGTAGATTC AGGATTATAG AAGCTACATT CATAAGTGTT 540  
ATCATCTTTC TTTTAAAGTA TAAACATACC TTTGGCTTTA ACTTCGACTT TAGTGTGTGTT 600  
AATGTCAAAA GTTTGAGTGC TATTACTATA ATTAACACCA GCCCAAACCG ATTCATTATC 660  
TTTCACAACG GGGAAGTCAT CTTCTTGCTT AACGACGTnA CTTCATCTTT CTCTGTCTTA 720  
AAGACATCTT TAGATAAGCC TGGATACAAC ACATATCCAT ATTTATTGTC AGAATTAGAA 780  
TGCTTTT 787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 585:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 830 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 585:

ATGCTAAATT AGGGGGAATA TTTACGATAA AGAGACCAGA AAAATAATAA AACACATGCT 60

TAAAATGAAG ACTATTTTTT ATTACAAGAA AATGTATCTA GTAAACTTAA AGTAGCAAGA 180  
 CCTAATAAAT TTAATGCATG TTGTGCACCT TTTTACCTT GGCCAGCTTC GAAATGTTTG 240  
 5 TAAGCAGCTA CACTTAAAAT GCCTATCGTT GATAGTGATG CAAGGCGAGA AATGTTTTTA 300  
 TTGATAAAGC TAGCTGAGTA TAAAGCAGCA GTAGTTGCTT CTGCAATGCC GACGTATTTT 360  
 10 ACAAGTTCTT TTTGCAAGCC AAAAGTATGT TCAAACAGTT CAATCATACC CTTATCTTCT 420  
 TGCAATTTAG GTTACTGGC TTGGTATAGC TCTTTCGCAA GTTTTAAATT CGTTGCGTAA 480  
 CGCAAATCA TATTTAATTC CTCCCAATAT TTGATTTTTT GTGAAAGATG ATTACTTTAT 540  
 15 CATTTTTACC CGTTTCTATA AAAATGAATC AATTATGTAA CGTATGTGTA GTTTAGGAAT 600  
 GTTTGCTATG GAAATATAAT TCTGTTCACT CAAAATGTAT GAAATTAATG TGTAGTTTTG 660  
 TCGAGTTGCT CTTTAAATTT GGTAGATTG TTTTITAGAG AAGCGGTACT ATTTTAAAGT 720  
 20 GCATCAACAG ATTTACCTTC GTTTTGAGAC ATTGAGTTTA TTACAGCACG AAGTTCTGTT 780  
 TCTAGTATGT CaGCGTCGct TTAGCATTAG AACTTAaTat TTatAcTCTT 830

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 586:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 412 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 586:

35 TTAGGACGTT TTTACAATCA GTACAATGAG CTCATTGTTA TTAGTCCTTT AACGGCGTCT 60  
 TTTAATGCTG GCGCTACATT TGGGCGATTT CATCATTTAA TTGATACTGA AACTTTAGCA 120  
 AAATTAGAAC ATGAAAAAGG ACATTATTAT CAGAAGATGA TATGTGATGA CAATGTAGAA 180  
 40 ATGATTTCTA TAAATAACAT ACCGAAATAT CCGAGAAATC ATAATGTATT AACTAATCAT 240  
 GACTCATACG AATATTCATT GAATTTAGGA AGTAGTAATA GTTATTCAAA GTATGAGCTT 300  
 ACCTTAGATG ATATTTATGT TGGTGCTACC TTTtAACAAA TTATATTTAT ATTCTAGCCm 360  
 45 ActAAATAAA AGGGkaCtat TTGaATCaAA CmATaTGtAT TAACCTTTTT TA 412

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 587:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4709 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## EP 0 786 519 A2

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 587:

	TTCAGTTTGA AATTAATCAT ATAAATTTCT TATGGGAGGG TTGATATCTT AATGATTAAC	60
5	ATTATTTTCAG CTATAGGATC TATTGGAACA TTTATTATGG CTTTATTTTA TTTTGTATCA	120
	GTTTCAGTTC AACTTTTATCA AATGAAAATT AGCTTTCTGC CAGCTTTAGG TTTTAACCAA	180
	ATTTTATTAG AAAGGGAGGA GGATCAACTT AATATAATGA ATTCGGCAAC AGAAGAGCAT	240
10	CATCATAAAG ATTATATTAA ACTATATAAT TTAGGTGGCG GTGCTGCTAA TAAAATTGCA	300
	ATAGAGGTTT TATTGGGGAA GGATAGTC ATTACAGAAA AATACGTGCA TATTkTACCT	360
15	AGTAAAGAAG GGTACATGTT ACCAATTAAT AAAAATGTGT ACGAAGAATT AGAAAGAACG	420
	ATTGAsAACA ATGGTCATGA AGCTGATTG AATGTACGTA TGACTTATTA TCATAATGTA	480
	AGTCGCAAAC AACAGGAAGT TATATTAAAA GGTCAAATCG ACCGTTTTAA TACTTATAAT	540
20	AATAAAGAAA TTTATGATTT GCAGTTTATC TAAAAATTGA TTTAAGAGGG TAGTTGTTTA	600
	TTGCGAAAAA TATCATTCAA TTTTAATGAA ATAATGGCGT CATTACTATA AAATATTACT	660
	TTATGTTGTA ATGCATTTTT CTATAAGATA GAACTAAAAG GAGGGGCAAA GATGCAAATT	720
25	AGACAAATAC ATCAACATGA CTTTGCTCAA GTGGACCAGT TAATTAGAAC GGCATTTGAA	780
	AATAGTGAAC ATGGTTATGG TAATGAATCA GAGCTAGTAG ACCAAATTCG TCTAAGTGAT	840
	ACGTATGACA ATACCTTAGA ATTAGTAGCT GTTCTTCAA ATGAAGTTGT AGGGCACGGT	900
30	TTACTAAGTG AAGTTTATCT TGATAACGAG GCACAACGGG AAATTGGATT AGTGTTAGCA	960
	CCTGTATCTG TTGATATTCA TCATCAAAAT AAAGGTATTG GGAAGCGATT GATTCAAGCA	1020
35	TTAGAACGAG AAGCAATATT AAAAGGATAT AATTTTATCA GTGTATTAGG ATGGCCGACG	1080
	TATTATGCCA ATCTAGGATA TCAACGCGCA AGTATGTACG ACATTTATCC ACCATATGAT	1140
	GGTATACCAG ACGAAGCGTT TTTAATTAAA GAATTAAAAG TGAACAGTTT AGCGGGAAAA	1200
40	ACAGGTACCA TAAATTACAC ATCTGCTTTT GAAAAAATAT GATTTCAAGC TAGGATTACA	1260
	TTAGGTAGAG TTCATATTAA TAATAAAAAA TGTTTGCAAT CAAATCGTAC GTTGTCGTTT	1320
	GTAATTCTTA AAATAGCAAT AAATAAAATG TTTGTTAGTA AAGTATTATT GTGGATAATA	1380
45	AAATATCGAT ACAAATTAAT TGCTATAATG CAaTTTTAGT GTATAATTCC ATTGACAGAG	1440
	ATTAAATATA TCTTTAAAGG GTATATAGTT AATATAAAAT GACTTTTTAA AAAGAGGGAA	1500
50	TAAAATGAAT ATGAAGAAAA AAGAAAAACA CGCAATTCGG AAAAAATCGA TTGGCGTGGC	1560
	TTCAGTGCTT GTAGGTACGT TAATCGGTTT TGGACTACTC AGCAGTAAAG AAGCAGATGC	1620
	AAGTGAAAAT AGTGTTACGC AATCTGATAG CGCAAGTAAC GAAAGCAAAA GTAATGATTG	1680

55

	GTCAAACACT	AATAATGGCG	AAACGAGTGT	GGCGCAAAAT	CCAGCACAAAC	AGGAAACGAC	1800
	ACAATCATCA	TCAACAAATG	CAACTACGGA	AGAAACGCCG	GTAAC TGGTG	AAGCTACTAC	1860
5	TACGACAACG	AATCAAGCTA	ATACACCGGC	AACAAC TCAA	TCAAGCAATA	CAAATGCGGA	1920
	GGAATTAGTG	AATCAAACAA	GTAATGAAAC	GACTTCTAAT	GATACTAATA	CAGTATCATC	1980
10	TGTAAATTCA	CCTCAAAATT	CTACAAATGC	GGAAAATGTT	TCAACAACGC	AAGATACTTC	2040
	AACTGAAGCA	ACACCTTCAA	ACAATGAATC	AGCTCCACAG	AGTACAGATG	CAAGTAATAA	2100
	AGATGTAGTT	AATCAAGCGG	TTAATACAAG	TGCGCCTAGA	ATGAGAGCAT	TTAGTTTAGC	2160
15	GGCAGTAGCT	GCAGATGCAC	CGGTAGCTGG	CACAGATATT	ACGAATCAGT	TGACGAATGT	2220
	GACAGTTGGT	ATTGACTCTG	GTACGACTGT	GTATCCGCAC	CAAGCAGGTT	ATGTCAAAC T	2280
	GAATTATGGT	TTTTCAGTGC	CTAATTCTGC	TGTTAAAGGT	GACACATTCA	AAATAACTGT	2340
20	ACCTAAAGAA	TTAAACTTAA	ATGGTGTAAC	TTCAACTGCT	AAAGTGCCAC	CAATTATGGC	2400
	TGGAGATCAA	GTATTGGCAA	ATGGTGTAAT	CGATAGTGAT	GGTAATGTTA	TTTATACATT	2460
	TACAGACTAT	GTAAATACTA	AAGATGATGT	AAAAGCAACT	TTGACCATGC	CCGCTTATAT	2520
25	TGACCCTGAA	AATGTTAAAA	AGACAGGTAA	TGTGACATTG	GCTACTGGCA	TAGGTAGTAC	2580
	AACAGCAAAC	AAAACAGTAT	TAGTAGATTA	TGAAAAATAT	GGTAAGTTTT	ATAACTTATC	2640
30	TATTAAAGGT	ACAATTGACC	AAATCGATAA	AACAAATAAT	ACGTATCGTC	AGACAATTTA	2700
	TGTCAATCCA	AGTGGAGATA	ACGTTATTGC	GCCGGTTTTA	ACAGGTAATT	TAAAACCAA	2760
	TACGGATAGT	AATGCATTAA	TAGATCAGCA	AAATACAAGT	ATTAAAGTAT	ATAAAGTAGA	2820
35	TAATGCAGCT	GATTTATCTG	AAAGTTACTT	TGTGAATCCA	GAAAAC TTTG	AGGATGTCAC	2880
	TAATAGTGTG	AATATTACAT	TCCCAAATCC	AAATCAATAT	AAAGTAGAGT	TTAATACGCC	2940
	TGATGATCAA	ATTACAACAC	CGTATATAGT	AGTTGTTAAT	GGTCATATTG	ATCCGAATAG	3000
40	CAAAGGTGAT	TTAGCTTTAC	GTTCAACTTT	ATATGGGTAT	AACTCGAATA	TAATTTGGCG	3060
	CTCTATGTCA	TGGGACAACG	AAGTAGCATT	TAATAACGGA	TCAGGTTCTG	GTGACGGTAT	3120
45	CGATAAACCA	GTTGTTCC TG	AACAACCTGA	TGAGCCTGGT	GAAATTGAAC	CAATTCCAGA	3180
	GGATT CAGAT	TCTGACCCAG	GTT CAGATT C	TGGCAGCGAT	TCTAATTCAG	ATAGCGGTTC	3240
	AGATT CGGGT	AGTGATTCTA	CATCAGATAG	TGGTTCAGAT	TCAGCGAGTG	ATTCAGATT C	3300
50	AGCAAGTGAT	TCAGACTCAG	CGAGTGATT C	AGATT CAGCA	AGCGATTCCG	ACTCAGCGAG	3360
	CGATTCCGAC	TCAGACAATG	ACTCGGATT C	AGATAGCGAT	TCTGACTCAG	ACAGTGACT C	3420
55	AGATTCCGAC	AGTGACTCAG	ATTCAGATAG	CGATTCTGAC	TCAGACAGTG	ACTCGGATT C	3480

CGATTCTGAC TCCGACAGTG ATTCCGACTC AGACAGCGAT TCAGATTCCG ACAGTGATTC 3600  
 CGACTCAGAT AGCGATTCCG ACTCAGATAG CGACTCAGAT TCAGACAGCG ATTCAGATTC 3660  
 5 AGACAGCGAT TCAGATTAGC ATAGCGATTG AGATTCCGAC AGTGACTCAG ATTCCGACAG 3720  
 TGACTCGGAT TCAGATAGCG ATTCAGATTC CGACAGTGAC TCAGATTCCG ACAGTGACTC 3780  
 AGACTCAGAC AGTGATTCCG ATTCAGCGAG TGATTCCGAT TCAGATAGTG ATTCCGACTC 3840  
 10 CGACAGTGAC TCGGATTAGC ATAGCGACTC AGACTCGGAT AGCGACTCGG ATTCAGATAG 3900  
 CGATTCCGAC TCAGATAGCG ATTCAGATTC AGACAGCGAT TCAGATTAGC ACAGCGACTC 3960  
 15 AGACAGTGAC TCAGATTAGC ATAGTGACTC GGATTAGCG AGTGATTAGC ACTCAGGTAG 4020  
 TGACTCCGAT TCATCAAGTG ATTCCGACTC AGAAAGTGAT TCAAATAGCG ATTCCGAGTC 4080  
 AGTTTCTAAC AATAATGTAG TTCCGCCTAA TTCACCTAAA AATGGTACTA ATGCTTCTAA 4140  
 20 TAAAAATGAG GCTAAAGATA GTAAAGAACC ATTACCAGAT ACAGGTTCTG AAGATGAAGC 4200  
 AAATACGTCA CTAATTTGGG GATTATTAGC ATCAATAGGT TCATTACTAC TTTTCAGAAG 4260  
 AAAAAAGAA AATAAGATA AGAAATAAGT AATAATGATA TTAAATTAAT CATATGATTC 4320  
 25 ATGAAGnAAc rCCTTAAAAG GTGGCTTTTT TACTTGGATT TTCAAATAT ATTGTTTGAA 4380  
 TATAATTAAT AATTAATTCA TCAACAGTTA ATTATTTTAA AAAGGTAGAT GTTATATAAT 4440  
 TTGGCTTGGC GAAAAAATAG GGTGTAAGGT AGGTGTGTAA TTAGGGAAAA TTAAGGAGAA 4500  
 30 AATACAGTTG AAAAAATAAT TGCTAGTTTT ATCATTGGGA GCATTATGTG TATCACAAAT 4560  
 TTGGGAAAGT AATCGTGCAG GTGCAGTGGT TTCTGGGGAG AAGAATCCAT ATGTATCTAG 4620  
 35 TCGTTGAAAC TGACTAATAA TAAAAATAAA TCTAGAACAG TAGAAGAGTA TAAGAAAAGA 4680  
 TTGGATGATT TCAATATGGT CcTTCCCA 4709

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 588:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1554 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 588:

50 CTTTTTTAAt TAwCgGaAta TTGtCaTgaT tAcAcTTCGt TAGGGTTTAc gTCGtAATTT 60  
 CATTTaATAA gCgCTTCaCc ATTAAAtGTG gTAmCCTTTA ATTCGCCAGT AGAAACATCA 120  
 CAGTAACTAA GCGCAATTTc AGGTTGATTC ATAACAAAAC TTAAATATA GTTATTTTGT 180

55

CGTCTAACCA TACCTTTCGT TTGTTTCGGA TCTTCCATCT GTTCACAAAT AGCTACTTTA 300  
TATCCATTAT TAACAAGTGT ATCTATATAA CTATCTGCAG AATGATACGG AACACCACAC 360  
5 ATCGGAATTG GATTTTCTTT TTTAGCATCT CTTTITAGTTA AAGTAATTTT AAGTAYACGT 420  
GATGCCTCCT TGGCATCTTC ATAAAACATT TCATAGAAAT CACCTAGTCT AAAAAATAAT 480  
AAGCAATCTT GGTATTCTGA TTTTATTTTT AAATATTGCT GCATCATTGG TGTAACATTA 540  
10 GACATATTAT TTCTTCACAA CCTTGTCTC TTTTAAAAAT TTGTCTTTAC AATATATTTCG 600  
TTTGTAAGyT TTTAATTAT TAATTATTTA ACTTATACAT TTTAACATAC TTACTTTTAC 660  
AAACCTATT C ATACCATATA ATCACGAAGC ATCTTAAATG TATAAGAAAA CGCCTCAAAC 720  
15 CTAATAAAAT GTGTCAATAG CATGTTTAGA ATTAAATTAA AATTCTAACA TTCAAGACAT 780  
TTAATTAAGT AAGGGCGTTC AATATTAAAA TGAACAATGA CTCTGTTTGA AATCATATAT 840  
20 CATAAAATTA TTTTATAAAC CTTTGAAGAA TACCACGTTT TTTTAGAGTA ATTAATAAGA 900  
AATAACTTAT AATAGATCCG ATAGCACTTG aGACTATGaa CGTAATCATT AACGGTTTAA 960  
TGAAGAAGTC TTGAAGCCCA AGGaAATATG CTAATGGtAT aCaAATTAAA cTTCCgATGA 1020  
25 CaCCAGTTCC aAGTACTTca CCGACCGCGG CCaTAAATAT ATGTTTACGA TATnygTAAA 1080  
ACATACTAGC CAATAAAACT CCAATCATAC TACCCGGAAA TGCAAAAGst GTACCAGTAC 1140  
CAAAAAGAAC TCTTAAATTT GATGATATAA GCGCTTGAGC TAATCCATAC CAAGGACCTA 1200  
30 CTATGACCGC ACTTAATACA TTTACAAAAT GCTGTACTGG TGCTGCCTTA ACTGGTCCTA 1260  
GAGGAATGAT GATAATACTG CTTAATACAA CATTATTGTC AATTAAAAGT GCAGTTATAG 1320  
CCAGTTTTCT TGATTTTATA TGATTGTTCT CCTTTTTGTT TGTAATTAAT CACTATGCTT 1380  
35 GGCTTTATTA TGGTCATTTA AACGTGTTTC CATTGTTGAT ACAAACATTT TCAATAATTG 1440  
ATTGCTTCA TATTGTGAAG TTTGAAACTG TTCAACTATG GGCAATGTAT TTATTTCTGC 1500  
40 TTCTAtACTC TGAATGGtAT GTTCCGACTG nTCCAGCGCA TTTGTTTCCC GnAA 1554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 589:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 638 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 589:

TTTTGACGAA AAAAGTTGAT TTACAAATAT ATAAACGTTG TGATTTCAAT GTTTGTATAG 60

EP 0 786 519 A2

	TATATACATG ACAGCAACTT GGGAAAAAAA GGAAGGTAAC GAAGGTTTAT TAACTGTTAC	180
	TGTTCTTGCA GAAAAAGTAA ACAAAGCTCT GAGAGATCCC CTCATAATTT CCCCAAAGCG	240
5	TAACCATGTG TGAATAAATT TTGAGCTAGT AGGGTTGCAG CCACGAGTAA GTCTTCCCTT	300
	GTTATTGTGT AGCCAGAATG CCGCAAACT TCCATGCCTA AGCGAACTGT TGAGAGTACG	360
	TTTCGATTTC TGACTGTGTT AGCCTGGAAG TGCTTGTCCTT AACCTTGTTT CTGAGCATGA	420
10	ACGsCCGCAA GCCAACATGT TAGTTGAAGC ATCAGGGCGA TTAGCAGCAT GmTATCAAAA	480
	CGCTCTGAGC TGCTCGTTCG GCTATGGCGT AGGCcTAGTC CGTAGgCAGG ACTTTTCAAG	540
	TCTCGGAAGG yTTCTTCAAT CTGCATTCCG TTCGAATAGA TATTAACAAG TTGTTTGGGT	600
15	GTTcGAATTk CAACaGTaA GTtAGtTGCT AGAnCCCA	638

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 590:

20	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1242 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 590:

	AAAATATTCC CGTACATTTT GATGTCGTGA GGGGCTTTTT TGACTTTAGG ATTTGTCATT	60
30	TTTTCAATTC ATAAAGGGAG ACGAACGAAA AATGAATCAG CACGTAAAAG TAACATTGTA	120
	TTTTACTAAT TATAATTACG GCACATATGA CTTAGCAGTA CCAGCATATT TACCGATAAA	180
	AAACTTAATA GCTTTAGTAT TGGATAGTTT GGACATTTCA ATATTTGATG TCAATACACA	240
35	AATTAAAGTG ATGACGAAAG GTCAATTACT TGTTGAAAAT GATCGACTCA TTGATTATCA	300
	AATCGCTGAT GGAGATATTT TGAAGTTACT ATAGGAGGGA AAATAGATGG TTAATAATCA	360
40	TAACCCATAA AATGAAATGC aAGATATGTT AACGCCTTTA GATGCTGAAG AAGCAGCTAA	420
	AACAAAATTA CGCTTAGATA TGAGAGAGAT TCCTAAGTCT TCAATTAAAC CAGAACATTT	480
	TCATTTAATG TACTTATTAG AACAACTTC TCCATATTTT ATAGATGCTG AATTAACTGA	540
45	ACTACGTGAC aGTTTCCaAA TACATtATGA CATTAATGAc AATCATACAC CTTTTGATAA	600
	TATTAAATCA TTTACTAAAA ATGAAAAATT ACGTTACTTA CTCAATATCA AAAATTTAGA	660
	AGAAgTAAAT CGTACACGCT ACACATTTGT GTTGGCACCA GATGAATTAT TTTTCACAAG	720
50	AGATGGATTA CCCATTGCTA AAACAAGAGG GTTACAAAAT GTTGTGATC CATTACCTGT	780
	GTCAGAAGCT GAATTTTTAA CAAGATATAA AGCGCTGGTT ATCTGTGCAT TCAATGAGAA	840

55

AACTAAAGTT ATTGAAGCGG CAACGTTAGA TTTACTAACG GCATTTTATG ATGAACAGTA 960  
 TCAGAAACAA GAACAAGATT ATAGTCAAAA TTATGCATAT GTACGCAAAG TAGGACATAC 1020  
 5 CGTTTTCAAA TGGGTGCTA TCGGTATGAC AACGTTAAGT GTTTTATTAA TTGCATTCTT 1080  
 AGCCTTTTTA TATTTTTCAG TAATGAAGCA TAATGAGCGC ATTGAAAAAG GATACCAAGC 1140  
 ATTTGTAAAG GATGtTATAC GCAAGTACTA AATACGTATG ATGATTTAGA TGGTaAAAAAt 1200  
 10 TgaTAAAGAG GCACTTTACA TTTATGCCAA AAGTTATATC CA 1242

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 591:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 744 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 591:

TTCCAGATAG AGCCTTAGTT GCTGCCGCTG AATTGCTCTGA TCGTTACATC ACTGATCGTT 60  
 25 TTTTTACCAG ATAAAGCGAT TGATTTAGTT GACCAAGCAT GTGCAACAAT TCGTACGGAA 120  
 ATGGGATCAA ATCCAAC TGA ATTGGATCAA GTTAATAGAC GTGTCATGCA ATTAGAAATT 180  
 GAAGAAAGCG CACTTAAAA TGAATCTGAC AATGCGAGCA AACAGAGATT ACAAGAACTA 240  
 30 CAAGAAGAGC TTGCCAATGA AAAAGAGAAA CAAGCAGCAC TTCAATCTCG TG TAGAATCA 300  
 GAAAAAGAAA AAATAGCAAA TTTACAAGAA AAACGTGCGC AACTAGATGA AAGTAGACAA 360  
 35 GCGTTGGAAG ATGCACAAAC AAATAACAAT TTAGAAAAAG CTGCTGAACT ACAATATGGA 420  
 ACAATTCCTC AATTGGAAAA AGAACTTAGA GAATTAGAGG ATAATTTCCA AGATGAGCAA 480  
 GGTGAAGATA CAGATCGAAT GATTCGTGAA GTTGTAACAG ACGAAGAAAT TGGCGATATT 540  
 40 GTCAGCCAAT GGACAGGCAT ACCAGTTTCA AAATTAGTTG AAACAGAACG TGAAAAATTA 600  
 CTTCACTTAA GTGACATCTT GCATAAACGT GTTG TAGGTC AAGATAAAGC GGTGACCTG 660  
 GTTTCAGATG CAGTAGTTAG AGCAAGAGCA GGTATTAAAG TnCAAACAGA CCTATTGGTA 720  
 45 GTTTCtnATT CCTAGGTCCn ACTG 744

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 592:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1449 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear



## (x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 592:

	TTGTTATAGT GTCTGAATCT GTGTAACCTCT TGCCCATGTG TTCTGAGTAA AGCACCCACT	60
5	GTTTATTAC TTTTCGTTGT AGTCTAGCTT CGTGTAGTAG TTTGTTTAACT TTTTGTGCTG	120
	ATATACCGTA GTCTGCCGCG ATTTGAGTTG TGGCTAATGT GCCAGTTGAT TTTAAGATTT	180
10	CATCAACATA ATCTGCTTTG GGTTTTAGCT CTCCAATTTT TTGTTGTAAA AGTAAGTTTT	240
	GCTCTTTTTT TTTCTTATAC TCAGTCAACA CTGTAATGAT GTAGTCTGGA TCTTTTAATG	300
	TTTGTTCAT TACATTGTCT GTTGCGTATA TACCGTGTTT GCGAATAGCT GGTaGGACAT	360
15	CTGATGTTAC CCAGCGTTTG AATTTTCTAG CGGTTTCTCT AATTTTTCG TTTTGTCTTT	420
	GTTTAGAAGC ATCGAAGATT AGACTGTATA ATCCTGATTC GTTGATAATG ATCATATTTT	480
	TGTTTTGACC TGATGCACTA AATTGGTGCG TCAGTTTGTC CTCGCTATCA ACATGATTTT	540
20	TAATGGCATT GTCTGATCTT GCATATCCTA AAATCTCAGC AATATCTTTT CCTACAAAAT	600
	AAGGTTTCGT TTCAATTTCT ACTGTTCTTA CTGGTAGCTC TTTAAAATTA AATGTTTGTA	660
	ATGCTTGCAT TTGAGTATCC TCCTTTTTTC TCAACACCCA CATTGAGCAG ACGGTTATCG	720
25	CAATGACTAT CGAATGTATT TAAACGCGGC TCATATCATC GCCAGcTCTC GCTCACATCT	780
	GCTCAATGTG GATGTTGATA AGCGTGGTTA TATTAAGAAG TGAATGTTAC TGATTCACTT	840
	TCCGCCACTC TGTTAAATCA GTAACCTTGT TATCGCTTTC AACACCGTTA AGCTTGTCTA	900
30	ACGCTTTCAC TACTTTTGG AACTCTTTGA TAGCACTtCG TAGCTTTTTA GTAATTTTAT	960
	CTTCTACCAT TTCCAAACCA GCAAATGCGT CTTCGTTATT CATGCTTAGA TGTTTGTGTA	1020
35	AAAGATCTCG AGTGTATCTT ATTTCTTTAA GTGATTTATC ATAAGCTTCA ATTGTCTCTG	1080
	AAAGGTTATG ATATTTTAGT TGTAGTTTTA CTAATTTTAA TGATTGGTCT TGCATTTGTT	1140
	ATGTCTCCTT TAAGATGTTT GTTTGCGTTT CGTGTACTTT GTGGGTAAAA AAATATCTCC	1200
40	AATATTTTCG TCAAAAAAAT CAGCGATAAT AAACATCTCA TCATTCTTAA ATTGATGCTT	1260
	TCCTAATTCT TTTAAACGAT AACCTTCAGT TGATATATTC AAGAGGTTTG CTAAATCTTC	1320
	TTGAGTACAC TTTCTTTCTT TTCTCAACTT TATTAAATTC CATTGCATGT TGTACCTCC	1380
45	CGCTTTACAA AACCTACTAT ACACGATACG GTACTTGnGT CAACATAAAA GTTTGCTTTT	1440
	CGTGTATTT	1449

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 593:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1170 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 593:

5 ACCAAAAACA CTTTCTAAAG AAATTGTTTC AGAACCATTT GCTAAAAACC AATTACGTGA 60  
 AAAAGCTCGT CTAAC TAACA TTAAAGGTTT AGAGATTCCA AGAGTTTCAT ACACTTTAGA 120  
 CGATGATGAT TTCATTACAG ACGTAGAAAC AGCAAAAGAA TTAAAAGCAA AAGGTGATAC 180  
 10 AGTCAAGTTC ACTACTAATA AATTCAAAGT ATTTGCTGCA ATTCAGATA CTGTAATTCA 240  
 TGGATCAGAT GTAGATTTAG TAACTGGGT TGAAACGCA CTACAATCAG GATTAGCAGC 300  
 TAAAGAGCGT AAAGATGCCT TAGCAGTAAG TCCTAAATCT GGATTAGAAC ACATGTCATT 360  
 15 TTATAATGGA TCTGTAAAG AAGTTGArGG AGCAGACATG TATGATGCTA TTATTAACGC 420  
 TTTAGCAGAT TTACATGAAG ATTATCGTGA TAACGCAACA ATTTATATGC GATATGCAGA 480  
 20 TTATGTCAAA ATTATTAGTG TTCTTTCAAA TGAACAACA AATTTCTTTG ACACACCAGC 540  
 AGAAAAAGTA TTTGGCAAAC CAGTAGTATT TACAGATGCA GCAGTTAAAC CTATTGTGGG 600  
 AGATTTCAAT TATTTTGGA TTAACATATGA TGAACAAC TATGACACTG ATAAAGATGT 660  
 25 TAAAAAAGGC GAATATTTGT TTGTATTAAC AGCATGGTAT GATCAGCAAC GTACATTAGA 720  
 CAGTGCAATTC AGAATTGCAA AAGCAAAAGA AAATACAGGt CCATTACCCA GCTAAGCCCC 780  
 AAAAGGTTAA TGTAACAGCT AAGGCTAAAT CAGCTGTAAT ATCAGCCGAA TAGGGGTGAT 840  
 30 GAAATGAGTT TAGAAGAAk TAAATTGTGG TTGAGAATTG ACTATAATTT CGAAAATGAT 900  
 TTAATTGAAG GTCTCATTCA ATCGGCTAAG TCTGAATTAC TATTAAGTGG GGThCCAGAT 960  
 TATGACAAAG ATGACTTGGA ATACCGCTT TTTTGTACAG CGATTAAATA TATCATTGCA 1020  
 35 AGAGATTATG AAAGTCGTGG ATACTCAAAT GACCAATCTA GAAGCAAGGT GTTTAATGAA 1080  
 AAAGGATTGC AAAAAATGAn TTTGAAATTA AAAAAGTGGT AGGTGATTTT TAAATGGAAT 1140  
 40 TTAATGAATT TAAAGATCGC GCGTATnTTT 1170

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 594:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1393 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 594:

50 TGAAGGGTGT TTTGTTTATG GCCAATTGCT GTGTTATTAA AnCGAATGTT TCGAATGGAA 60

55

ATCATTCCGG AAGAGGACAT GTCTTCAGCT TCTGATTTGA AAGCACAGTT TTATCGCGGT 180  
 ACTTTGCAGC GCTTTTACCA AtCnTTGCAC GCAGAAAAGC TTACACCTTA TGTTATGTCT 240  
 5 TATGACGATA TCATTTTATT TTGTAAAGAA AACAAATATCT CTGAAGTAGT GACTGCGGGT 300  
 GATATTATGA GTTATCATCT TGAAGAATAT GATATTTTAC ATCAACGTTT TTTATTCAAT 360  
 GAAGCACGCA TTGCCGTTAC TTTGATACGT GGAATCATT ACTTTAAAGC GAGTAAAACA 420  
 10 ATGAATCAAC AAGGGGAGCC ATACAATGTT TTTACTAGTT TCTATAAAAA ATGGCGACCT 480  
 TACTTGAGGC ATAGAGACGT ATATCACTAT GATTTAAAT CATTGAAAA CTTTGTCTATT 540  
 GCATCACCTG ATGATTAGT GTTTGATGAC ATAGCATTG GATCCTCACA aATAATTGAA 600  
 15 CAGatAAATG GCAACATTTT TTAGATCAAG ATATACAGAA TTACGAAAGC GGAAGAGACT 660  
 ATTTACCTGA AGTATTAACA AGTCAGCTAA GTGTTGCTTT AGCATATGGA TTATTAGATA 720  
 20 TTATTGAAAT TTTTAATGAT TTATTGGCGC GTTATGATGA AGATGAGGCA AACTATGAAG 780  
 CATTTATACG TGAATCATT TTTAGAGAAT TTTATTATGT GTTAATGACA CAGTATCCTG 840  
 AAACCTCATA CCAAGCTTTC AAACCTAAAT ATCGACAGAT AAAATGGTCG CAAAATGAAG 900  
 25 CGGATTTTAA TGATGGTGC GAAGGGCAAA CAGGATTTCC AATCATTGAT GCAGCAATAA 960  
 TGAATTGAC ACAAAGTGGT TTTATGCATA ATCGAATGAG AATGGTTGTG TCGCAATTTT 1020  
 TAACCAAAGA TTTATTTATA GATTGGACAT GGGGAGAAAA ATTCTTTAGA AAGCACCTTA 1080  
 30 TTGACTATGA TGCAGCATCA AATATTCATG GATGGCAATG GTCTGCTTCT ACAGGTACGG 1140  
 ATGCAGTGCC GTATTTTAGA ATGTTTAATC CAATAAGACA GAGTGAACGC TTTGATGCTA 1200  
 AAGCTTTGTA TATCAAAACA TATCTTCCGA TTTTTAATCA AATTGATGCA AAATATTTGC 1260  
 35 ATGATACACA ACGCAATGAG TCCAACCTTT TTGAACAGGG GATTGAATTA GGTAGTCATT 1320  
 ATCCAAGACA AATGGTAGAT CATCAAGAAA AACGTACACA AGTTTTAGCT ACATTTAAAG 1380  
 40 CGCTAGACTA ATT 1393

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 595:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1484 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 595:

TTAACTTGAA AGATTTCCTC GACATCTATA ACTTGTATAA TGTGTATATG TCGTTTTTAG 60

	AAAAATTAAA AAAAGAATAT CTTGATTGGT ATAATCAGAC CTTAGAGTTT TCTAATTTAT	180
	CAACAATGT AGTAAGWATA GATACTCCTT TTAAAGATAA TTCTTTAGAT AATTTAATAA	240
5	TTTACGCTTT ATACGATCAG TCCAGAGACA TGATTACACT GACAGATGAC GGCTATACTA	300
	TATtTGATTT AGAAAAATAAT GGTATTTCTT TAAATAAATC AAAAAACGT AAAAAGATTT	360
	TTGAAGAGCA CCTTTCAGCT TACGGTATTA AATATAACGA TAAACTCAC GAAATTTTGT	420
10	TTCAAATAA CTTTAAAAAT TTTAATAAAT CGAAACATAA TTTATTACAG TGCCTTATAT	480
	TTGTTAATGA TATGTACTTA CTTTcTAATC CTAAGTCACA GAACATATTT ACAGAAGATG	540
15	TTGCAAACAA ATTGGATGAA CATAACATTT ATTACGGAAG AGATTTACCT ATTATAGGAA	600
	GCAGTGGTGT TGTTCATAAT TTCGACTTTT TTATTAGCGC TAAGAAAAAT CAAAAAGAAA	660
	AATTTATCAA TGCTATTTCT AACCCTAATA ATTCTATGAT TATTAAGTCG AAAATAACGG	720
20	ATGCTATGCA AGCAAAAAAA ATAAAAAGAC ACAGGCAAAA TGAGTTTATT TTTATTTTAA	780
	ATGACTCAA AAAAGAAATA AATGAACATA ATAAAAATCT TCTTCATGAA AACTATATTA	840
	GTACAATAGA TTATAGCGAA TTAGATGAAA AGATAGGTTT ATTGATTTAA TATATATAGA	900
25	CGTGATAATA TCAATGTTTA TATTAAATGA AACGAATTTG AAAATTTCTGA AACAGCTTAA	960
	GATAGCAAAT TGAATAGCCT TATTGATAAT GCAGAATCGT CTACACTTAG TTGAACAAAT	1020
	TCTATGAGAA TAGATATTGT TAACTATTT GGGTAGGCGA TTTTATTTTG ACAAGAGTCA	1080
30	GAAGATTATT TAGTTCATAG TTAAAGTTAC AAATGGCTAA ACTTTATGAA AATGGTATGA	1140
	CTAGAATCGA AATTATACTC GAATACGATT TAACACTCTC AATCTTCTCG AACTGAATAA	1200
	ATACTGGGTC ATTCAATCAT CAAGACAACT TAATAAGTGA TGATAAATGT TCATACCATT	1260
35	TTGCAAATAT AACCAGATAC TCTCAACAAA ATGTAGAGTT CAAAATTAAA AATGTCCCTA	1320
	ATTGGCACAT TGCTGTATGA TAATAAATTC AACTTAGATT TCAACAATAT AACTAATGAT	1380
40	GCTTATATTT ACCGCGATAT CAAACCAAAC AGCCCATCCA CAAACAAATT AGAATATATC	1440
	mTGTTAATAA TAGTAAATGA TATATCTTCC AAAGACCGCA AACT	1484

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 596:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1435 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

50

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 596:

55

	CTTTATCaTT AAATGCCaTT TTGaATCCTT CTTGAATTTG TTTGATTTCC TTTTCAGTAT	120
	TATTAACCTT GTTCAAGACA GTGCCATTAA TTTTCTTCTT GAGTGGACCA ACCTCATCTT	180
5	TATTAGTTGA TTCATGAATC GTTAATCCAA TGTGTGGCTG TATTCTATAA CCATCATTCG	240
	CTATAGTTGA AACATATTGT GaTAATTGTA ATGGTGTATA GGTATCATAT TGACCAATTG	300
	ATAAATCTAG ATAATTACCT GGATTATTTG TTAATGGTTC GATTTGACCT CTTGTTTCAT	360
10	TTGGTAAATC TATCCCTGTT TTCACACCTA AGCCTACTTG ATTTAATCCT CTTCTTAGCT	420
	TTTGGGCAGG TGAACCTATG TCTGAAGGTA AAGCCATACC AGAATAATAA GGGTCTCCCG	480
	CTAATTTTAA TGCTGTTTTA AACATATATA CGTTTGATGA ATGCATCAAA GCTTGCTTAT	540
15	CATTAATAGT TACATGCCCG TTTTATTGA AGTATGATCG TTTTGTCAA CCACCTTGGA	600
	AATGTAATGG TTCATCGACC ATTGTTTCTC CAACCTTGAT AGCTTTATTC TGATAACCGG	660
20	CTAATAATGT TCCACCTTTT ACAGAAGATC CAACCGCAAA TTGAGAAGTA AACGTACCAA	720
	TGTCATAATC AGTCATTTTA CCACTCTTAT TAATCTGCTT TCCGGCAAGC GCAAGAATGT	780
	CTCCATTTTT AGGATTTTGT ACAACCATCA TTGcATTATC CATATCTTTG GCACCTTGAC	840
25	TGCGAsTTCT TAATTTGTTT ATCTAATAAT GCTTCTACTT CTTTTTGAAG ATCTATATCG	900
	ATCGTTAATT TCAAATCTTG ACCGCGAGCG CCAGGrTTTA ACACCTTCTGA AGATGTAACT	960
	TTACCAGATT TGTCGGTTGT GTATTTTCATT TCTTTCTTCT TACCACGcAA TACATCTTCA	1020
30	TATTGATATT CTAGGTAAGA TTTTCCAACA CGATCATTCG GTGAATATCC TTTGGATAAG	1080
	TAATGTTCTG TCAATTCITT TGGaATACCT TCAGCAGGTG TCGATACATC TCCGAATATA	1140
	CCTCTTAAAG TATCGCCATA TGGATATTTT CTATCCCAAT CCATAGACGT GTTAACACCT	1200
35	GGTAATTTGG AAAGTTGCTG AGAAACTGCT GCATACTCTT TTTCACTGAC ATCTTCATTT	1260
	TTTATCATTT GTGGATCTAA AACTGTTTCTT GGCATTATC TCTCGAAAAA TAGCTAAAAC	1320
40	TTGGTAAATC TTTAGAAGAC AATTCATCTA ATTGTGGATT TTCCGGATTT CGGATAACAG	1380
	TTGGTnTATC CATAATGGAT CCTGGTTTAA TACCTTCCAn CnGGCGAACA TAGCC	1435

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 597:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 516 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 597:

55

AGAAAAAGAT TTAGAAAAGA TTACCATTTCG CGACATAACA ACACGCGCTG ATATCAATAG 120  
 AGGGACATTT TACTTACATT ACGAGGATAA ATATATGTTA CTCGCAGATA TGGAAGATGA 180  
 5 GTATATTTCA GAACTAACGA CATATACTCA ATTTGATTTG TTACGCGGTT CTTCAATTGA 240  
 AGACATTGCG AATACTTTTG TAAATAATAT ACTCAAAAAT ATTTTCCAAC ATATTCATGA 300  
 TAATTTAGAG TTTTATCATA CTATTTTACA ATTGGAACGC ACGAGTCAAT TAGAATTGAA 360  
 10 AATCAACGAA CATATTAAAA ATAATATGCA ACGTTACATT AGTATCAATC ATTCTATCGG 420  
 AGGCGTTCCA GAGaTGTATT TTTACAGTTA CGTTTCCGGA GCAACAATTT CaATTAnnTA 480  
 15 AATACTGGGG TAATGGACAA ACAGCCCATT TTCAGT 516

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 598:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1955 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 598:

AGTACTTTAC CATGAGGTAA GACTTTATTC CCTGCTTTTA TAGATTGTGC TTTTATTTGT 60  
 GTGCCAGAAC CAATAGtAct GGTcTAATGA TTTTGCACTC ACATTATCAA TAGCTTTTTG 120  
 30 TTTGTCTTGA CCTTCAACAT CTGGCACTTT ACTATACTCT GCATTAGATG TGTCACTTTT 180  
 TGATTTACCT ACATTTAAAT ATTTCAAAGT ATTTTCCATT ATTGGTTTAA ACGCTTTACT 240  
 35 AACACCTAAT TCATAAGCTT CTTGGTCATT TTTTGTGCC AAGCTCATA CAGCGTATAC 300  
 AATAACTTTA GGATTTTCT TCGGCGCGTC ACCCATAAAA CTTACAAAAT ATGGGTTTGG 360  
 ACCTTTAACG TATCCACCAC CATTAGGTGC AGCGACTTGT GCTGTACCAG TCTTACCTTC 420  
 40 GACCTCATAA CCATCAATAC GATAGTTTGC AGCGTGACTC TTCTTACTAT TCACAATAA 480  
 ATCCAATTGC TTTTCAACTT TTTCAAGCAGT ATCTTTTGTT ATTGGTTTGC CTGCGATTTG 540  
 TTTTGGCCCT TTATAAAATT GTCTTTTACT AACAGGATTT TCAACGCTAT TCACAAACCA 600  
 45 TGGTTTAAAC ATATTACCAT CATTAAAGAA CGCTGATTGC GCTTGTAACA TTTGAACAGG 660  
 TGTTACTGTT GTCGATTGAC CAAATGATGA CGTTTTTTGt TGCAACTCAT TACTCCATCC 720  
 AATTTGaCCA GGTGCTTCTC CATCAAACAT ACCTTTAGTT GaTTTTCCaA ATCCaAATCG 780  
 50 TTCATACCAA GATTTCAATT TGTCTGCACC AACTAAATCT TGTAATGCA TCATCAATGT 840  
 ATTAGATGAA TAAGTAAATC CGAGTGACAT TGGGATTTCA CCCCACCga CTCTATTCCA 900

EP 0 786 519 A2

5 AAAAGCACCT TCTTGAATAG CAGCTGCTAA CCCATATGAT TTAAATGTTG ATCCAGGCTC 1020  
 GTATGTGTTT TGATAAAGGT CATTTGCCCA CTTTTTACCA AAGTCTTTAC CAGTTTCAGG 1080  
 ATTAAATGTT GGTCGCTGAC TGTATGcTAA AATTTCTCCA GTTTTGGCAT CCATGACAAC 1140  
 CGCAAATAAA TCTTTCGGCT GGTATCTTTC AACCATGCCA TCTAAAGCTT CTTCAACAAA 1200  
 10 TACTTGAATA TTTGAATCGA TTGTTAAATG GACATCATCA CCACGTTTAG GCTGCTTCTC 1260  
 TTTTTTAGTA TTTGGTGCGA TATATCCCCA AATATCATGA ATATATCTCA ATGATCCTTT 1320  
 AGATCCACTT AAATAACTAT CAAAAATCTT TTCAACTCCA AGTGCACCTT TAAGTTCACC 1380  
 15 AGTATCCGGA TTTTCTGAG CTCTACCAAT TAAGTGTGAT GCAAATTCG CATTGGGATA 1440  
 AAAGCGTTCT GTTTCAGGCA ATAAAGAAAT ACCAGGCAAA TTCATTTTCT CTATTTTCAA 1500  
 TTTGTCCTGA TACGTTAAAT TTGTTCCCTT GCGTCCAAAT TCAATTTGGA AAGCTTTCTT 1560  
 20 TTGACTAAGT CTCTTTTCAA TTTCCTCTGG CTTTCATATTA ATGACTGTAG ATAATTTCTT 1620  
 TGCAGTCTCT TTTTATCAA CTACATGCCT AGGTTTTTTA GAATTGGCAC TCGCCTTTTT 1680  
 ATCTATTACT GCAACAAGTT TATATCTTTC TACATCTTCT GCTAGCACTT TACCATKACC 1740  
 25 ATCATATATC TTTCCTCGTT CTGGTTGTTG TGCATTCTTA ACTAAATACT TTTCATTGTC 1800  
 CTTTCATGACT AAATCTTGAC CATTAGAATG TCCAGTAATC ATGATATATG AAATCTTTAA 1860  
 AACCAATATA AAAAAGAGCA GTCCGAATAA ACCAACAAGT AGGACTGCCC CTATTTTATT 1920  
 30 TTTTTTAATT TTAATTTTTT TGGTCGCCAT TACTA 1955

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 599:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 704 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 599:

45 TAGCAAGAGT AGGTGATAAC AGTTCTTTTA ACGTGTGTTG TGCTTGCTCA TTTCTTGGCT 60  
 CATTGTAGAC TAAATATAA TAAGCGTTTT CAAATAAGTG CTTTTTAGCA TTTAGTACAC 120  
 CAGATTTATG ACTACCAGCC ATTGGATGAC CACTGACTAA ATGAATATTA TGCTTTAATA 180  
 AATTGCATTC GTGTTGCTGT ATCATTGCTT TAGTACTACC AGTATCAGAA ACAATAACAC 240  
 50 CAGGTTTAGT TGGCATATCT ATAAGCTCGC TAAGATATTT ATTTGTGATA GCAACAGGTG 300  
 TTGCATAAAT AATTACATCG GCTTTTTTAA TAGCTTCACT ATAATTTAAA CATTTTTCAT 360

TATTAGTATT AGGGTTATGG TATTTTATAT TGCTAGCAAG ACTTCCACCA ATTAATCCAA 480  
 GCCCAACAAA TAAAACTGTT GTCATATAAA TCACCTTATT TCGAAATTTT CAGAATAATA 540  
 5 ACATTGTAAA TGAGCTGTTG ACACAGTGCA ATAGTAAATA AAAATCGATA ATAGCATTAA 600  
 TAGATAAACG GAGATAAATC ATCTACAATA AAGAGTATAG TAACACAATG GCAACGGAGG 660  
 10 GGTAAATCAA TGGAACCAAT ATTAGAAATG ATtAAAACAT TAAC 704

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 600:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 600:

CCTCTAAAGG ATCACGAACC TTTTTCATCG TGAATAAGCC TATAATACCC TTAAACCTAT 60  
 TATTATTAAC TTTTACCTCT GTGTATTCCC TATCAATTAG GCGACGCCAG TGACGTTTAT 120  
 25 CTATATACTT TACTTTCACA GTCACCAACT CCTGTGCATT ATTATATAAA ACTACATAAA 180  
 TGATGTCATG TCATGATACA GTTTTATAGT TTTTGTTAAT CATATGAAAA TATTTATTAT 240  
 TATTTTACTA CAACTCGCTT CAATTTACTT AAAATAGACA ATATTAATTA GATAGTACAC 300  
 30 ACATTTCTTC ATAAAAGTGA TTTTTCAAAA ATATAAATAA CACACTCTTA TCGTTTTCAA 360  
 AATCATTTAA TGCTATTTTC ATTAAAAACA GCTGAAGCAT CAAATCTATT CTGATTCAAT 420  
 CAAGAATACA TATAAAAATG AAGTGACTCA AAGGTTTATT AACCAACCTC AAACCACTTC 480  
 35 ATTGATCACT TTTATTTTAA AGCATATTTT TCGATTACTG ATTAAAGATG CGGATATTGC 540  
 GTAATTAATT CAGATTGCTT AAACAATTCA AACTGCTTAA ACTCAAATGC CGGTTGACAC 600  
 40 ATACAACCTA CTAAACTAAA AGTATTTGAT ATTTGATTG AAGAAGCAAA AATTGTTCCCT 660  
 TTAGGCACTA CATATTGCAA TACATCTCCA TTTTGGATAT CAGTACCCAA TGTGTCAGTC 720  
 GTATATTCCC CATCCGGATT TATCATATGA ATTGTTAGAG AATCGCCAGC ATGATAGTAC 780  
 45 CATACTTCAT CAGCATCAAT TCGATGAAAA TCGGAAATAT TGTCACTGT AAGTAAAAAA 840  
 TAAATACTAC TAAACGGCGC TCTGCGTCCA TCTTCAATA CTTCTCGAAT TGTCTCTCTA 900  
 TAGAAACCAC CTTCAGGATG TGATTCAAGT TGCAATTcAT CaATCCATTG TTCTGCTGAT 960  
 50 TTCATTATTT CAAATCCACA TTATGGAATA CGTTTGTAC ATCTTCTAAA TCTTCTAATG 1020  
 CATCGATTAA TTTTCAAAT GTTACTTGGT CCGCTTCAGA AAGTTCAATA TCTGTTTGAG 1080



GAACGACTGC AAATTGAT

1158

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 601:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 827 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 601:

5	TGATACTTAT TTTTCAATAT TATTTGGAAT AAATCTTnT AATTGTGGTG TGAAATAAAC	60
15	ACCGAAATTC TTTTCAGATT CATCTTTTcC ACTACCTGCA TATAAAATAC CAATCAGTyC	120
	ATGTTTAGAA TTCAATACAG GAGATCCTGA ATTACCTGGT TGTGCATACG CATCAAATTC	180
20	CATAAACGTT CCACTGATAT GGTTAATCGT TCCTGTCGAT TCAAACATTT TATATTTTGT	240
	TTGTGCACCC TTTGATAAC CAATAACAGA AATTCTATCT TTCACTTTtG CTCCGTCTGC	300
	AAATTTTGTA TAACTAACGT TCTTATTAAA ATTCAAACCT TCTGTACTTG TTTCATGAAC	360
25	ATGAACTATC GCAAGGTCTT CTTTCCGGG ATATTCTACA ATGTCtTTAA CGTCGTAGTT	420
	TCCTCCGCCT TTACCTTTAC TCGAATGATG TGCTGATACT CTATTTtTAA AAATATCATT	480
	ACTTTTAGCG ATATGTTTGT TAGTTACGAT TGTATTTtTA CCAACAACTA CACCAGTACC	540
30	ACCCACAAAT GCTACCACTG aATTGTATGG TTCCTTAGTT GCATCGGTAA TTTCTTTGAC	600
	ATTCtTTTCT GCTTTGGCAA TTGAATGArG CTGATTAGAA ATATTTTCAG CAAAACCAAG	660
	AGATGTTAAA ATAGTTAAAG CAGTTAAACC TTTAACCATT ACATTTtTAT TCATATTTTA	720
35	CCTCCTTCCA AATTTATTTT nATAGTTAAT GTATCTAGAT ACACATTTAC TATATACATT	780
	TTAAATAAAA ATATTnATTA AATATTAATT AACCACtTAT nAACGTT	827

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 602:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 796 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 602:

50	nGGnACGTAA AGTATTTATG TTAAATGGCA nAAATATATG AATGATGAGT TACCTGGATT	60
	ACCAATGTTC CAAGGTAAAT CGATAACTAT TGTTAACGAT AAAGTACGAA ACTTAGACAT	120

CGACGATTTT GTCGAGGTTT ACTTATATGG GGGGATGTTA TGAATAATGT ATTGTTAGAG 240  
 GTTAAAGATT TAGAAACATC ATTAAAAATA AATAATGAAT GGTTAGCAAC TGTGAAAAT 300  
 5 ATTTCTTTTG AATTATCTAA AGGAGAAGTT TTGGGTATAG TAGGGGAATC TGGTTGCGGT 360  
 AAGTCCATAT TAAGTAAGTC AATTATTAAA TTATTACCAG AAAAGATATC TAAACTAAGT 420  
 10 AATGGAGAAG TTATATTTGA TGGTAAACGA ATCGATACGC TCAATGAGAA GCAATTGCTA 480  
 GATATTOGAG GAAATGATAT TGCTATGATT TTTCAAGAAC CTATGACTGC TTTAAATCCT 540  
 GTATTTACCA TAAAAAATCA ACTTGTGGAA TCTATAAAAT CACATAAAAA AATTTCTAAA 600  
 15 AAAGAAGCAA ATAAATTAGC AAAAGATTTA CTAaaaaaAG TTGGAATTGC TAGACAAGAT 660  
 GAAATATTAA ATAGCTATCC TCATCAATTA TCTGGTGGTA TGAGACAAAG AGTAATGATT 720  
 GCAATGGCCA TTTCATGTTT TCcTAAATTA TTAATTGCTG aTGAACCTAC AACAGCATTG 780  
 20 GATGTCACGA TTCAAG 796

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 603:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1618 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 603:

GGATGTGTTT ATCCCAAATT GaAAcAgAaA TTTATGATCA AAtGATGTGG ATTGGTTTTA 60  
 35 AaCCATTCAa AATTaCCAAT ATTAmACAAG AATCTGAAGA CATTAAATCA TTTtACAGTT 120  
 GAAACTGAAG AATATGACTT TAGTGAATTT ACACCAGGCC AATACATCAC AGTTGATGTT 180  
 40 TCTAGTGATA AACTTCCATA TAGAGCTAAA CGTCACTATT CTATCGTATC AGGTGAAAAA 240  
 AACCATTTAA CTTTTGGCGT TAAACGTGAT GTCACAACAG AACATGAAGG CGAAGTTTCA 300  
 ACAATTTTAC ACGATGAGAT TAAAGAAGGC GATATGATTA ATTTAsTGCG CCTGTAGGTG 360  
 45 GATTCGTATT AGAGAATACG ACTGAACCAC AACTTTTCTT AGGTTcAGGT ATTGGTGTTA 420  
 CACCTTTAGT AGCTATGTAT GAAGCTGCCT CTGCCAAAGG TTTAGATACA CAGATGGTTC 480  
 AAGTTGCTGA AAATGAACAA CATTTACCTT TCAAAGACAA CTTCAACAGT ATCGCAAGCC 540  
 50 ATCATGACAA CGCTAAATTA TATACACACT TAnAgATAAA CAAGGCTATA TTGGTGCTGA 600  
 AGAATTACAA GTATTTTtag CAAATAAACC TGAAATTTAT ATCTGTGGTG GTACAAAATT 660  
 55 CTTACaAtCT ATGATCGAAG CACTTAAATC TTTAAATTAC GATATGGATC GCGTACACTA 720

ATATGAAACT TAATCAACGT TACGTAAAAG TATTTGCATT ATATTTTCGTA AGTATTGTTA 840  
 CTGCAAATAT TATTGTTAAA AATAATAATT TAATTAAAAC AtTGATACAA ACCATAGCCG 900  
 5 GGTACACGGT CTTTGCAGTT GGTTTGAAGT ATTTAACTAA ACGTAAAAAT AAATGACATC 960  
 TATACCAAAA CAGCTATGAC TTTACTTTGT CATGGCTGTT TTTTAATTGG GAGTAGGACA 1020  
 10 GAGATGATAT TTTGCAAAA TTTATTTGGT CGTCCCACCA CAACATGCAT TGATGTATGC 1080  
 TCACTGAATT TCATAAGAAA GGAGTTCACA AGATGACCGT AGATATTGGA CGGATTTATG 1140  
 ACAATAAAGA TAATACCGAC GCTATTCGTA TCCTAGTCGA TAGAGTCTGG CCGAGAGGTA 1200  
 15 TTTGAAAAG AACTGCTAAC CTAGATTATT GGTTAAAAGA CATTGCCCCCT TCTACTGAGT 1260  
 TGCACAAATG GTTCCAACAT GATCCTAAAC TTTTGGAGC TTTTAAAGAA AAATATGAAA 1320  
 AAGAATTACG TGATCAGGAT GCGCAAAAAG ATGCTTTTGA AAAATTAAAG GATATTGTAA 1380  
 20 ATCAGCATAA TCATGTTCTA TTGTTATATG CAGCAAAAGA TACTAAACAT AACCAAGCTG 1440  
 TAGTACTACA GCAGTTGCTC AATACTTAGT TATATATGTT TATCGTGAAT CACTATAAAT 1500  
 25 GTCGCTAACT TCATTTCTAA TATTTATTTT TAAAAAGCAT AATTACTACA ATTAATTGGA 1560  
 ACTTTAATAA TTAATAAAT TGGAACAATA TTTTACTTTA ACAAATAAA GTTTTAA 1618

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 604:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2115 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

35

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 604:

40 ATTATAATGC AAATATTGAA GCATTAAAA CAGTCGCTAA AGCAGTAGGC AAAGAGAAAG 60  
 AAGGCGAGAA GCGTCTGGAA AAGCATGATA AAATATTAGC GGAGATTAGA AAGAAAATTG 120  
 AACAGAGTAC GTTAAATCT GCATTTGCAT TCGGTATCTC AAGAGCAGGT ATGTTTATTA 180  
 45 ATAATGAAGA TACATTTATG GGACAATTCT TAATTAAAAT GGGTATTCAA CCTGAAGtCA 240  
 mAAAArAmAA AACTACGCAT GTTGGTGAAC GCAAGGGTGG TCCTTATATA TATTTAAATA 300  
 ATGAAGAACT TGCCAATATC AATCCAAAAG TTATGATTTT AGCCACTGAC GGAAAAACGG 360  
 50 ACAAAAATAG AACGAAATTC ATTGATCCTG CAGTTTGGAA ATCATTAAAA GCTGTGAAAG 420  
 ATAACAAAGT TTATGACGTT GACCGAAATA AGTGGTTGAA ATCAAGGGGG ATTATCGCAA 480  
 55 GTGAAAGTAT GGCAGAAGAT TTAGAAAAAA TTGCAGAAAA AGCAAAATAA AAATACAGCG 540

TGTGATGATT TACCTGAAAG TTTATTTTCGA ATAAATTTAA TTACATAACC GACAAGGATT 660  
 GTTTTAACAG TTCTTTTAAT GAATTGGCGC ATCGTTACAT ACCTCATTTC TCTATATCTT 720  
 5 ACGAACTATA TACCCATTCA TATATGCTTT TTAAACGTCA TTGTCACAAT TTAATTTTAA 780  
 GGGAATATAA TATAACCATC TTTATCTGCT TTTTtagTAA AAATGACAAA AATTGCATGT 840  
 ATTATTGaGA TGATGGTAGG GATACCTGTC CAGAAAAATA ATAAGTGAAA AAGACCTTGT 900  
 10 CCAAATTTAT CAGCATAAAA TTTATGaATA CCTAAACCTC CAAGAAATAA TGCAACmATa 960  
 ACATAAATGG CTTTATTGAC TTTcATTtGT AAtCCTCCTT AACTATAATT CTACTTAAAT 1020  
 15 TCGTTGTGAA AACCAATATT TCTAACTTTA GAATTTTCAA ACTTTCTAAA ATTATAAGTA 1080  
 TATCTTTTTA AAATAAGCTA GAATTTCTAT ATAATAAATG TTAATAACGT AAAAGGGAAT 1140  
 GATGACATAG TGATACGTCA AGCACGTCCA GAGGACCGAT TTGATATTGC GAAGTTAGTT 1200  
 20 TATATGGTTT GGGATGATAT GGAATTAGAA TTGGTAAAGC ATCTACCTAA AGACATGGTA 1260  
 TTAGATGCAA TTGAAAAAAG CTGTGTTGAT GCAACATATC GAACTTTTTA TCAGCATATT 1320  
 TTAGTTTATG AAGTAGAAAA TAAAGTAGCA GGTtGTATTA TTAGCTATAG TGGTGAAAT 1380  
 25 GAATTGAAAT ACGAAAAAGC ATGGGAACTA CTTGACTTGC CAGAAAAAAT AAAACAATAT 1440  
 GGCACGCCAT TACCTGTAAA AGAAGCTAAA GACGATGAGT ATTATATAGA AACAAATTGCG 1500  
 30 ACATTTGCAG CATATAGAGG TAGAGGCATC GCGACAAAGT TATTAACGTC ATTACTTGAA 1560  
 TCAAATACAC ATGTTAAATG GAGTTTGAAT TGCGATATTA ATAATGAAGC AGCATTAAAG 1620  
 TTATATAAAA AAGTAGGCTT TATATCTGAT GGACAGATTG AATTATACAA GCACATGTAT 1680  
 35 CATCATTTAA TTGTTAAATA AAATACTCGA CAGTTCGATG TAAGTCGATT GCCGAGTAGT 1740  
 ATCATTTTCT ATTAAATGCC TGCAAATAAT GCACTAATAT AAATACCTAA TGCATATAAT 1800  
 AAACCGAAAA ATGTATTTGT TTTACCAGCA GCAGCCATTG CTGGCATCAT TGTAGGCGGT 1860  
 40 GTATCATTCT TCTTGAAACG TCTGATAACT TTAACAGGCA TTGGGAATGA TAACAACGCA 1920  
 AGTAAGTAAA ATAATGAGCC ACCAGGTTTA ATAATGATCG TAAGTACAAT AAAGGCATAA 1980  
 45 GCGATAAAGT ACATGATTGC CATAAATGTT AAAGAAGCAT TTTACCTAA TAGAATGGGT 2040  
 AAAGTTTTGC GACCACTTGC TTTATCTTTG ACACGGTCGC GAATATTGTT AGCCATATTA 2100  
 ATTAAACCGA TAGTG 2115

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 605:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1003 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 605:

5	TATGTCTCAA ACTCAAATTA ATCAAATGTT CCAGCAGAAA AACATGTCTA CTGAATTAAA	60
	ACGTCGTTAT GCACAACGTT TATTACAGTT TCCACATGTA CACAATAAAG AATACTTGAA	120
	ATCTTATGCT AAAAACCCCTA AAGAAACTAA AGATAGTTAT ATTTCTGGTT TTAAAGAGAA	180
10	TCAATTGATT AAAATAGAAG CGATTAAATC ATTGTTTGCA ATGGATAAAT CTCCATTAGA	240
	ACATGTTAAA CCTGCTACAA AACCAGACGC TTCTGGGAT GAGATGAAAC AAAAAGCAGT	300
	TGAAATTGGT AAAGCTGATA CTACATCGAA TAAATTGGT ATTAGAGATC AATACTGGAA	360
15	ATTAATTCAA GAAAGTAAGC GTAAAGTTAG ACGTGACTAC GAATTCAATG TTAATTCTCC	420
	AGAATTCCAA GATTTAGAAT TACTTGTAAG AACAAATGCGT GCTGCTGGTG CAGATGTTCA	480
20	ATATGTAAGT ATTCCATCAA ACGGTGTATG GTATGACCAC ATTGGTATCG ATAAAGAACG	540
	TCGTCAAGCA GTTTATAAAA AAATCCATTC TACTGTTGTA GATAATGGTG GTAAAATTTA	600
	CGATATGACT GATAAAGATT ATGAAAAATA TGTTATCAGT GATGCCGTAC ACATCGGTTG	660
25	GAAAGGTtGG GTTTATATGG ATGAGCmAT TCGGAAACAT ATGAAAGGTG AACCACAACC	720
	TGAAGTAGAT AAACCTAAAA nTTAAAATAC AAATAGCACA TAACTCAACG ATTTTGATTG	780
	AGCGTATGTG CTATTTTTTAT ATTTTAAATT TCATAGAATA GAATAGTAAT ATGTGCTTGG	840
30	ATATGTGGCA ATAATAAAAT AATTAATCAG ATAAaTAGTA TAAATAACT TTCCCATCAG	900
	TCCAATTGA CAGCGAAAAA AGACAGGTAA TAACTGATTA TAAATAATTC AGTATTCCTG	960
35	TCTTGTGTGT TATTCATAAT ATGTTCTGTT AACTTAATAT CTT	1003

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 606:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40	(A) LENGTH: 1097 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 606:

	GCTnTTATAT TTAAAAAATT TATThGCGGA TAATTACCTT TATTAAATCC CACCCATTAG	60
50	GAwTaCGAGT AATAGGACTA ATACTGGAAT CACATAATGT AACATAACGT CCCTCCTTTA	120
	ACTTAATTTT AATTGTAATC AAATTTGACA ATAAGTCAAA mCATTAAATAC CTATGATArG	180
55	TATCATTTAT TAACATATGT ATCATATTTT TAATCTTGCG TAATTTTAT CGTTAACTAT	240

CTTTTGTCAT TTTAATTATG TTAAGATAAT AGTAGTTATA GAAGTTCAAT CTATAGGAGG 360  
 CATAGCATGG ATATTCCAAA AATCACGACA TTTTAAATGT TTAATAACCA AGCTGAAGAA 420  
 5 GCTGTAAAC TATACACAAG CTTATTTGAA GATAGTGAGA TTATAACAAT GGCTAAGTAT 480  
 GGTGAAAATG GACCTGGTGA TCCCGGGACT GTACAACACT CAATATTTAC ATTAAATGGA 540  
 10 CAAGTATTCA TGGCGATTGA TGCTAATAGT GGCACAGAAT TACCAATGAA TCCTGCGATT 600  
 TCATTATTTG TTACAGTAAA AGATACTATT GAAATGGAAC GACTATTTAA TGGATTAAAA 660  
 GATGAAGGTG CCATTTTAAT GCCAAAAACG AATATGCCAC CATACAGAGA GTTTGCTTGG 720  
 15 GTTCAAGATA AGTTTGGAGT AAGTTTTCAA TTAGCATTAC CTGAGTAAAA GGATTGCGAC 780  
 AGCTTGGAAT GATAAAGAAA CACTTTTTCT TATGCATGCG TTTTACCTAT GTATTTCTAT 840  
 TTTAAGTACA CATTAGCATT TTAGTTTCGC TCATTTTAA AATCACAAAG ATAATTTGTA 900  
 20 ACTTAAATGA TGATACGTTA TTTAAAAACA CGATACTTCG TTTCAATGAA CGCATTAAAT 960  
 AATAAATAAA CACCTCACCA TAAGAAAGGA CTACTTTCTT TTGTGAGGTG TTTatTTGTC 1020  
 25 GACAACTGA TTATGATTGT TTCATTTTTT GAATAAGTTC ATAATCAGGT GTAGCATACA 1080  
 AAGTTTTTTG ATTGTCA 1097

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 607:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2031 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 607:

40 GAGGTCTAGC ATGTCTCGTT CAAAAAATA CTTTACTTA TCTAGCTTAA TGATTATTTT 60  
 AAGCTTTTTT TTTAATACAA ATAACGTTTT CCTAAGTGGA CTTTTTAATT CTTTTATTAA 120  
 ATTAATACTT TTCTGCAGTG TTATTAACTC AATTGTACTA ATTTTGTCTA TAATTTTTGC 180  
 45 AGATCGTTCA ATTAAATCAC TAAAGCCTGA TGCAGATTGG ATTAGAATTG CGAGTAAAAG 240  
 TTTGCCTTGG aTTATTCTAA TTGTTATTTT AGTACATATC TTTTCAATTG TTCGTACATT 300  
 CGGTTTTATT TAAAAAGTT AATATGTCAT TGTAGCCTTA ATACAAAACA ATACAATGTA 360  
 50 TCATGCTATA ATGAGTAAAA CAATTTGATA ACGTTGTTGC GTATAAAAAA TATTAGATTT 420  
 TCGAAATCAT AACTATGCAT CTAATCGCTA TAGTTATACA ACAAGATATA ACATATAATG 480  
 55 AGGTTTGATA ATGCATCGAC AATTTTTGTC GTCGCGTTGC CAAAACCTCT TTTTAAATT 540

	TTTAGGCGCT TTATTACGTT ACCTCATTTT TTTTCTGAAT ACTGACGGAG GTTTTCCAAT	660
	CGGAACACTG ATAGCCAATT TGACTGGTGC CTTTGTAATG GGATTGCTAA CAGCCTTAAC	720
5	AATTGCATTT TTTTCAAACC ATCCGACCCT AAAAAAAGCT ATTACGACTG GTTTTCTTGG	780
	TGCTTTAACG ACTTTTTTCAA CATTTCAATT AGAATTAATA CATATGTTTG ATCATCAACA	840
10	ATTTATAACT TTACTIONTAT ATGCTGTAAC AAGTTATGTC TTTGGTATTT TGTATGTTA	900
	CGTCGGTATA AAACAGGTG GTGGTTTATC ATGATATCAA TCATTTTAGT CATGATTGGC	960
	GGCGGTTTTG GCGCAATTGC TAGAAGTGCC ATTACTGATT ATTTTAATCA TAAATTTACT	1020
15	TCAAAGTTAC CTATCGCAAC ATTGATAGTA AATCTAGTTG GTAGTTTTTT AATTGGATTA	1080
	ACTATAGGCT TATCAATTTT AATCTCATGG TTCCCTGCGT TCTTTGTTAC CGGTTTTTTA	1140
	GGTGGCTTAA CAACTTTCTC AACGTTAGCC AAAGAACTTA CACTAATGAT GACGCCAAAA	1200
20	TTTAATATTA ACCTTTTTCT CAATTATTCA CTTTACAAT TCATCATGG ATTTATAGCT	1260
	TGTTATATTG GCTATCATAT TAAAAATAA AATGCTTCAT TCAGCAAATA GGTAATTTAC	1320
25	GACACCTTCC TGAACGAAGC ATTTTTTAAT TTTTCATGCA ATTTTAAAGC ACCATATAAT	1380
	GCCTACCAAA TTTCAATAAT CTTTGTGGC GTTTAAATAA TGTGAATGTC AATAAATTCT	1440
	CCAAACTAGT CGAAAATAAA GGGAGTGGGA CATAAATCCC TAAAAAACA GCAGTAAGAT	1500
30	AATTTTCAAT TAGAAAATAT CTTACTGCTG TTCTCTATTT ATACAATACT TCGTATTGAA	1560
	TGGCTTCGCT TTCCTAGGGT GCCGTCTCAG CCTCGGCTTC GACTGGCACT GCTCCCTCAG	1620
	GAGTCTCGCC ATTAATACTA CGTATTAACA TGTAATTTTA CTTTACATA CTTTAAAAAA	1680
35	TAAGACACTT TGCCCAACTT AACTACCAA TAGAAACCTC TGTTAGAATT CCTCAAAATG	1740
	ATATTTTCGCG ATATGTTAAT GAAATTGTTG AAACGATACC TGATAGCGAA TTCGATGAAT	1800
40	TCAGACATCA TCGTGGCGCA ACATCCTATC ATCCAAAAAT GATGTTAAAA ATCATCTTAT	1860
	ATGCATATAC TCAATCTGTA TTTTCTGGTC GAAGAATAGA GAAATTACTT CATGACAGTA	1920
	TTCGAATGAT GTGGTTAGCT CAAAATCAAA CACCTTCTTA TAAAACTATT AATCGTTTTA	1980
45	GAGTGAATCC TAATACTGAT GCGTTAATTG AATCTTTATT TATTCAGTTC C	2031

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 687 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

TCCCCGGGAA TCGAACCCGC GAnCTCCTGC GTGACATGCA GCGGTGTTAA CCGCTACACT 60  
 ACGAGACCTA TTAnATTAAA AACTATGTAT TGCGGGAGGC GGATTTGAAC CACCGACCTT 120  
 5 CGGGTATGA GCCCGACGAG CTACCGAACT GCTCCATCCC GCGCTAATAT TATTTTGAAT 180  
 TACCTAATTA ATATACCATA ATCAAAAACC TAAAGTsrrG AACTTTTTGA ATTTAATTTA 240  
 AATGTTATCT CTTAAATAAT TACTTAAATA TCGTAGCAAC ATGTTCTCTG TTGAACACAA 300  
 10 ATATTAGTAT ATTCATTTTT GTAGTGTACG TCAACGACAT TTTCAAAGTT TTTTGTGTAA 360  
 AAAAACGCTT CTTATTCCCT TTTATCATAT AAGTGTCTAA TAGTTGTCAT AAATAGTGkT 420  
 15 AAAGCATTTA AAAAGGTATA GGAGTTATAA AGTTTACAAC GCCTATACCT TCTGAAAAAG 480  
 AAATTATAAA AGCTTGTTAC ACCGCATATT CTTTCAGTCA GCGACTACCA ATATAACATT 540  
 GTAGCCCTAA GACATTGCTT GACGCCTCAn TTACAACAAT TTTTCAAAT CAGCAGCTAC 600  
 20 CTACTGACAC AACATAACAC AACCChTACA CTAnCTATCG TGTCATGTAA TCTTGCATCC 660  
 GATCTTGCAA CGCTGTAAAT GTTTCGA 687

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 609:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 843 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 609:

GTGTTGAATA CTTTGACAAA ATGAAATCAT TTGTTCTTTC GTTTCAAATT TAAGTGTTC 60  
 AATTAAATCA GTTCGTTTTT CGTAGTACTT CGGCGTTGTG TTCATATTCA TTTTTTCTAA 120  
 40 AAATAAACTA GTAAACAATG CACCTTTAAG ACTCTGACTG ACAACGTGTG GTGCTAAAAA 180  
 GAAACCTTGA TACATTTCAA GCAATGCATT TAATGATGCA CCCGCTTCTT TACCAATACC 240  
 AGGTGCTGTC AATCTATAAC CACATCGTTC AATTAAATCT TTTCTACCAG CAATGTATCC 300  
 45 ACCAATCTTA GCTAAACCAC CGCCAGGGTT TTTAATTAAT GATCCTGCTA TTAAATCGGC 360  
 ACCACATTCT ATAGGTTTAC GTCTTTCAAC AAATTCCCCA TAACAGTTAT CCACAAATAT 420  
 TAAAATATTA GGATGCACGT TTTTCAACCT AGTAATTACC TTTTCAATTT CATCTAGCGG 480  
 50 AATTGAAGGT CTTTGATCAT AGCCTTTCGA ACGTTGAATC GCTATTACTT TGGTGCGCTC 540  
 AGAAACCCCa TCTAACACAC TTTCAATATC GATCTTACCT TCTTTAAGTG CAATATCTTT 600  
 55 ATACGATmCG CCATGCTCCA TTAAACTTTC AATACCATT CCGTTTACGC CAATGACTTC 660



ACTTTGTAAT GCAATAGTAA TCGCATGCGT ACCTGAAATA ATTTGCGGAC GAACAATTGC 780  
 ATCTTCTGCT TTAAATGCCT GCGCATATAT TTCTTAATTG AACGAATTTA GAACTAATCG 840  
 5 TAA 843

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 610:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 775 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 610:

GATTATTATA AACCGAATGA AACAAAAAAG TTTTACATA TTTTCAACAA CTTTATTTC 60  
 20 ATAAAGCATC AAGTTGATCT AAAGTTTGAT TCATACCTTG TTCAACACCC ATGTTTATGA 120  
 CTTGTTGAGC GGCTTCTTTT GTTGGAATA CCGATGTTGA TGTCAGTGTG GTTTTCGTTG 180  
 TATTGCTCTT GGAAAATGAC AAAGTAATTT TCATGCTTGG CATTTTTGTA TCTTTTGCAC 240  
 25 CTTGAGGTGT CGCAAATGAG TCAATATATT CAATTAAATA TGGACGCTTA ACCGTTTTAT 300  
 ATTCTGCTAA TGTATAGCTG GTCATTGTAG GTGTTTAAAT CGCATAAAAT GCATCACCGC 360  
 30 CTGAAACAGC ATTAAAGCGA AACACTTTGG TACTAGCGTC TTTTGGATGA AACCATTTTT 420  
 CAAATAATGC TTTkGTCGTA TAGGCATCAA ACACCTTTTC AATCGGTGCT TCTATCGTTC 480  
 TTGAAAAAAT AATTTTATTA TCTTCAACTT TAATCGTCAT CTTCCCACTC CCTATCTTTT 540  
 35 ATATTTACTC ATCTTAACAT GCATTGAGTA ACATATGTTA CCAAATCATT TGTATATAAC 600  
 TATAGTAATA TTAATCATTC CCTCTGTnGA AATTGATAAC TACGAAATAA AAAACACACT 660  
 CTATTCAGCT ATTAACAGTT GAGTAGAGTG TGCAAACCTG TTGAATTAAAT GCGCTAACAT 720  
 40 TTCTTCTTTG ATTIGGTCTT nATnTAATTT TGAAGGATAA TATGTTGGCC AGTTA 775

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 611:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 728 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:

ATCAAAATTT GATACTAAAG GGCTCAGCT ATTTTATGTA TTTATTGGAT TGATTATGTT 60

TGTGGCAATG TGTTTATTTA AAGTAGAAAA ACATGTTTCT TCACCATTTT TACCTGTGGT 180  
 TGAATTTAAT CGTTCGATTA CTTTAGTTTT TATAACTGAC CTTCTAACAG CTATTGTMTT 240  
 5 AATGGGATTC AATTTATATA TTCCAGTCTA CCTTCAAGAA CAACTAGGAT TATCTCCATT 300  
 GCAAAGTGGG TTGGTTATTT TTCCTTTATC TGTAGCTTGG ATTACATTGA ATTTTAATTT 360  
 10 ACaTCGAATT GAAGCAAAAC TATCAAGGAA AGTTATTTAC TTACTATCAT TTACATTGCT 420  
 ACTAGTAAGT AGTATTATCA TTTCAATTGG TATTAAATTG CCGGTACTTA TAGCATTGTG 480  
 GTTAATTTTG GCAGGATTAA GTTTTGGATA TATTTATACG AAAGATAGTG TGATTGTCCA 540  
 15 AGAGGAAACT AGCCCATTAAC AAATGAAGAA AATGATGTCA TTTTATGGAT TAACTAAAAA 600  
 TCTTGGGGCA TCAATAGGTT CAACAATAAT GGGATATCTT TATGCGATAC AATCAGGAAT 660  
 CTTTGGTCCA AACTTACACA nTGTGTTAAG TGCTGTTGCT GTAATTAGCA TGGGCTTATn 720  
 20 GTTTTATG 728

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 612:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 913 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 612:

TATCAGAGCA AATAAGCAAG TTAGATAAAA AGATTTCTGA CTTACAATTA ATTAGACGCT 60  
 35 CTGTATGTGA ATTTATTAAA GGACTCTCTC TAATAGATAC CAGCATTTTA AACAAAGACAC 120  
 TACAGTCACA ATATGATAAA GAAGCATCTA TAAAATATGG TCATACGAAA GCATATCAnT 180  
 40 CATTTATTAG ACGTAAAGAC AGCTTACAAT CGCAGGATAT CAGACATAAA TTGACAACTA 240  
 TCTTCAATAA ATTTAATCAT ATGTCTTTGA GTCATTATCC AATCCAAGAT TGTAGTGATC 300  
 TCGTATTTGA GTGGAAGGCA TTTATGAACA CTATCGCTGA TTTTGmTGAT GAAACATTAT 360  
 45 GCTGTATTGC TAAAACATAT GAAGATGATA CGCGTTTCAA AGATTACTTT AATTCATATG 420  
 ATAATCAAAA TTTAGCATCA TACATTTCTAG AAGCTGTTAA TTATTTTTTG AGCAATGTGA 480  
 ATAAGAGCGA CAATTTTTAA TCCTCATACA GATGCTACAA CACTGAATAC ACCAACTAAA 540  
 50 ATAATGTTC AAAGTAGAAA ACTAATCATT TATCTCTAA ATCAATAACT ATATTAAAAG 600  
 TTATACCTTT GCAAAGCGAA TTAGTATAGG TTACCGAAAG GAGAAAGGAT TAGGTTCCAT 660  
 55 TCGATTTATA AAAAAATATA TTTCGAAACA TACAAAAGCG CCAGAAGATA ATCATTTCCT 720

TCAATGCATA TTCAACTAGC TCAGGTTTAC TCTTTAAGCC AAGCTTTGTC ATAATATGCG 840  
TCTTATGTGC TTCTACTGTT TTCACAGATA CAAATAATTT CTCTGCAATT tCTTTATTCC 900  
5 CGTAACCTTT GGC 913

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 613:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 654 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 613:

ACAAGTGTG ATGTCATAGT AGCGTCAAWT GTGCTTTATT TCTGGGACAC ATTTAAATTT 60  
20 TTCCACCCCA TTACTTGGAG CTTAATCTTT ATTACAATTT TACTATTATT AAACATTTTT 120  
TCTGTAAAAT CATTGGAGA AACTGAGTTT TGGTTATCAT TGATTAAAGT GTTAACAATT 180  
ATCGTATTG TTATTTTTGG CTTTTTAATG ATTTTCGGTA TCTTAGGTGG TCATACATAT 240  
25 GGATTTGAAA ACTATACAAA AGGCCAAGCA CCGTTTGTTG GTGGTATCTC TGGTTTCTTA 300  
GGCGTATTAT TAGTCGCCGG ATTTTCGGTT GGTGGTACAG AAGTAGTAGC AGTAACTGCT 360  
30 GGTGAATCAG ATGACCCTAA AAAGTCTATG CCTAAGGCAA TTAACAAGT ATTTTGGCGT 420  
ATTCTTTTAT TCTATGTCTT ATCAATTGCA GTAATTGGTG CAATTATTCC GTACACAGAT 480  
CCATCATTAT TAAGAGCAAG TAGTTCAATA AGTCAAAGCC CATTACAAT TGTATTGAT 540  
35 AGAGTAGgCA TAGCCTTTGC AGCATCAGTA ATCAACGCGG TTATTTTAAC TTCATTATTA 600  
TCCGCTGCAA ATTCAGGTGT TTATACAACA GGCAGAATGT TGTATTCCTT AAGT 654

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 614:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 642 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 614:

TCGATCTTTA TTGATAATAA TTAAATTGTC GCCTTTAAAA TGTGATATTA ATCCTGCGGC 60  
50 AGGnTGTA ACGAGTGATG AACCTAGTAC AACAAGGGTG TCAGCATGTT CAATTTTATT 120  
TAATGCCCTT ATGATGGTAG GTTGATCTAA CATTCACCG TATAATACGA TGTCCGGTCG 180  
55

ATAAGATTTA TGACATACAT TACAATAAAA ACGATTTAAC GTGCCATGTA ATTCATCAAC 300  
 ATGTTGACTT CCAGCGTCTG AGTGCAAACC ATCGATATTT TCGGTGATGA CACCTAAAGA 360  
 5 TTGTTGATTA CGTTCTAATT TTGCAATCCA ATCATGAACG ATATTGGGCA TCGTATCGAC 420  
 AAATAGTAAG CGCTTATGGC AGAAATTGAT AAAACCTTCA GGATCATCTT CTAAATAATC 480  
 10 ACGGCTTAAC AAGTATTCTG GCGAAAGCCC ATCTTTTGaA ATTTTCATCAA ATAAGCCACC 540  
 CATTGaaCGG AAATCTGGAA CGCCACTTGC GACAGATACA CCAGCACCTG TAAAAAATGT 600  
 AATACGATTG GAACATCTA TAATATGTTT TAGTGTCTCT AA 642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1210 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 615:

TTTCCCCnCC CnCCAAATA TCCAANGGAA CTTTAATAGT CCAATTGGCA CAGTAAACT 60  
 ATGGCATTTT ATAAGTATAA TATATCTGTA ATTTATGGTC AATTAGTAAA TTGTTTTTTA 120  
 30 TTTGAAACAT ATTTACATc AAAATCACAA AGACTTTTAG ATTTTGtTCT AAAAATCTCT 180  
 TAATAATTTA TTTAATGAGA AGAGTTGCTT ATATAGTAAA TTGTGAAGCC GTTAAACAA 240  
 CGTTACAAAA CCTATATCTT TAATACGGAA CCATATGGTA TGAATCAAGG AATACTTAAA 300  
 35 CTAAAACTTC TCTATCAGAT TTATTTGTTG CGAAATCAAC AACTTTAATT GCTTGCCCTT 360  
 CATTTAATGG ATAATTGCT TGCCTAATTT TAACTTTTAC AATTGACCT ATGAGTGATT 420  
 CGTCACCTTC AAATTGTAAT TTCATATAAT TATCTGCATA TCCAATAAT GTACCTTCTG 480  
 40 TGtCACCTG TTCCTCAGGA ATTACTTCAA GCACATCTTG ATCAAATTTA GACGCATATA 540  
 ACTTTCCGAG TTGATTGCTT AGCGTAATTA ACTTATGCAC CCGTTCATTT TTAATTTCTT 600  
 45 CATCAATTTG GTCATCCATT CTTGCAGCTG GCGTGCCAAT TCTAGGAGAA TAAGGGAAAA 660  
 CATGCAGTTC AGAGAACTTA TGCTTTACGA TAAAATCATA TGTTTCTTGG AACTCAGCTT 720  
 CAGTTTCACC TGGGAAACCA ACAATTACAT CACTCGTAay TGCCAAGTCT GGTAAAGCTT 780  
 50 TATGCAATTT TGTTAATCGT TCTGAAAATC TATCCATTGT ATACTTACGT CTCATACGTT 840  
 TTAATACTGT ATCTGAACCA GATTGTAATG GAATATGCAA ATGACGCACA ACTTTTGTTG 900  
 AACGTTCTAA AACGTCAATT ACTTCATCTG TAAGTTGACT TGCTTCAATT GAAGAAATTC 960  
 55

CTTTTAAATC TTGACCATAT CCACCTGTAT GAATTCCCGT CAATACAATT TCCTTATATC 1080  
 CTGAATTCAC TAGTTGCGTC GCTTGTTCAC CTACTTTTTC CGGATCTCTT GAACGCATTA 1140  
 5 AGCCACGAGC CCATGGAATA ATACAGAATG TGCAGAAGTT GTTACAACCT TCTTGAATTT 1200  
 TTAATGACGC 1210

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 616:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 652 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 616:

20 TAATAAAATA CAATACTTTT CAATACAGAG AATCCCGCAA TGTCGGGATT CTTATTTATG 60  
 CTGATTTTGT TTTTGTCTAT GATCAGGGAC TTTcAGGGAC TCAATTAATT ATCACATTCA 120  
 TATTTTCTTA TGACCAAATT GATACATATG ATGCTATTTA ATGAGAAAAT TAGGCATCAC 180  
 25 TTGGTTATTG AATTTCTTTC ATTAAACITT CCAGCTCAAT TTAATAGTTA GTCGACTATT 240  
 ATTCATTAAA CACTTTTTTAA TCATAAAAAA GTGTTTTTgA TAATTCACta CCaAAAACAC 300  
 30 CTTCTTACTT ATAATTCTAT TTGTTACCA TTTCTAATCT TATCGGCTAA ATCATTcAGT 360  
 TTTCTTAATC GGTGATTTAC ACCTGATTTT GAAATTGGAC CAGTTGATAC CATTCTCTCA 420  
 AGCTCTTTCA ACGAAATTTT TTGATGTTCT ACTCGAATTC TAGCAATCTC TCTCAACCTG 480  
 35 TCTGGTAAAT TTTCAATACC AATTTCTTTA TCAATCAATT TAATGCTCTC AACTTGTTTT 540  
 ATCGCAGCAC TAACTGTTTT ATTTAGATTG GcCGTTTCAC AATTAACGAG TCGGTTAACA 600  
 GAATTACGCA TATCTCTTAC AATACGTACG TCTTCAAATT TTAATAACGC TT 652  
 40

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 617:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 798 base pairs  
 45 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 617:

50 ThACCACTTT AAAATAGCGC TTAATAAAAtG AAGGGGGCAA GTCTTATGAC GtTTTACaAT 60  
 TTcATCaTGG GTTTTCAAAA TGtTAACACA CCATTGGGTA TATTGGCCGa ACACGTTAGT 120  
 55

TCTAATTACA CAGATCATCA ATTAATTGAA ACTACAAATA GAGCTATTAG CTTATATATG 240  
 GCAAATTAAT TTGAGTAGTA CCAATTATGA TGTATTAGTG CATCCCAAAT ATCTTTTGTT 300  
 5 TTAAGTTTA TTTCATCATT TCTTATCGAA AATGGTGTA TAATGCTTT ATCTAACCAA 360  
 GTGTTGATAA GTTCATTGG TACACCATCT AACAACATTT CACTTTTACT AATTATAAAA 420  
 10 CATTCCCAGT CAAGTGAAAC ATTTTGTTGGA TTCACATAAT TACATTGATT ATGATTATCC 480  
 ATAAACACTC ACTCCTTTAA AATTCTGTAC TCTTCATTGC GTTTTACCCC GTCACATTAT 540  
 CTTTAAACT AAAATCATCA TTACTTATGA AAAAAATGTA CATCAAAAGC AAAGGTTTTC 600  
 15 GCTACCGAAA AAGTTTAAAT AATGGTtAA TATATtGGT ACTCATTtTA ATAAAAAGAG 660  
 AATACATTTT GAGCTATCAA TACTTTTAT TGAAGAGGTG TTATTsyTGG CTAAAACGTT 720  
 ATATTTAATG CGCCACGGAC AAACTTTGT TAATTTTAAG GGACTAATtC AGGGATTtGG 780  
 20 AGATTGCGCCG CTAACAGA 798

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 618:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1786 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 618:

ATACGCTCAA TTGATAAAAA TTTAATATCT GCCATTTGTA TACGCATCGC TTCGAATGTT 60  
 35 TCCGTTGCAA TATCAAATGA TAATTGTGAC TGGAACCTTA AACATCGAAT CATACGTAAA 120  
 GCATCTTCTT GGAATCGTTC CTCAGCTATA CCTACAGTTC TTATTATTCG ATTATTAATA 180  
 TCTGTGTGAC CATCAAAATA ATCATACAAT TTGTATGCTG TATCCATTGC TATCGCATTC 240  
 40 ATCGTGAAAT CTCGTGCTTG CAAATCTTCG TATAAATCAC GAACAAATGT AACACCACTT 300  
 GGTCTACGGT GATCGACATA ATCTTCTTCA GCCCGGAATG TTGTCAC TTC ATAATTTtCA 360  
 45 TCATtAAAAa CTACATTtAT CGTGCCAtGT yCTTnACCTA CAGGTATCGT ATGACTAAAG 420  
 ATAGATTCTA TTTCATCCGG CGTTGCAC TT GTTGATAT CTATATCATG AATATTCTT 480  
 CCCATGACAT AATCTCTTAC AGAGCCACCT ACATAATATG CTTCAAAACC ATTGTCTTGA 540  
 50 ATTTGTTCTA ATATAGGCCT TGCCTGTTCA AATAATGATT TATCCATATT ATTACTCGCC 600  
 TTTACTTTTG TTATGCTCAT TTAGCATTTT TTGATAATAA TACTCATATT GATCTGTAAT 660  
 AAGTTCTGAT CCAAAACGTT CAGCAATATC TGCTAGCATG TTTTCTGAA GTTTGTTGTA 720  
 55

	ATCTACGACA AATCCAGTTT CACCATGTTT AATAACCTCT TTAATTCCAC CGGCATTTGA	840
	ACCAATTGGA ACGACGCCGT TwTTCATAGC CTCAAGTAAA GTTAGTCCAA AGCTTTCTTT	900
5	TTCACCTAAT AATAATACTA AGTCAGATAA TTGGTAAAAT TCACTTACGC AATCTTGTTT	960
	CCCTAAAAAT AAAACATCCT CTTCTACGTT TAACTCTTTC GTCAATTGAC GCATTGGCAC	1020
10	TAATTCAGGA CCATCTCCAA GTAAAATTAA TTTACTAGGT ATCTTTTCAC GTACTTTTGC	1080
	AAATGTTTCT ATAATAGTAT CTATGCGTTT TACTTGTCTA AAATTCGATA CATGTATTAA	1140
	CACTTTTTCA TCTGGTGCTA TACCAAATTG TGATTTTAAT GCTGTGTTAT GTTTAGTTGG	1200
15	AAACTCATTT TCACGTACAA AATTATAAAT CGGTATAATT TCTTTGTTAG TTTCAATAAT	1260
	TTCATGTGTT TCTTGTGCTA AAGATTTACT CACACTTGTC ACAATATCAC TTTTTTCAAT	1320
	GCCAAATTTA ATTGCACCTT GGAGTGAATG ATCATAGCCC AAAACAGTAA TATCAGTACC	1380
20	GTGTAGCGTT GTCATAATTT TTATATCTTT ACCTGACATC TCACGAGCTA AAATCCCACA	1440
	AATTGCATGA GGTACAGCAT AGTGCATATG CAACAAATCA AGATCATATT CTTTAATAAC	1500
25	TTCAGCGATT TTAGTACTTA ACGTAATATC ATACGGTGGA TACTGAAATA CTGCATATTG	1560
	ATTCACCTCA ACTTGATGAA AAATCATATT CGGTAATGGT TTTCTTATTC TAAACGGGAT	1620
	ATTTGAAGTG ATAAAATGTA cTTCGTGACC TCGCTCTGCT AATTTAATTC CTAATTCTGT	1680
30	GGCAATAATT CCAGAACCCAC CCATGGACGG GTAACATGTT ATACCTATCh TCATTTCGCTT	1740
	GCCCATCCTT TCTTTCTATT TCTChCTATG ATnCTCGATG CGTAGA	1786

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 619:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 844 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 619:

45	ACAGGTATGG ACTTnGCTCA AATGACACGA CATTATTTAT CAAGACCTAT TGCTATAATC	60
	TTTTGGATCA TTGCAGAACT AGCAATTATC GCTACAGATA TTGCTGAGGT TATTGGTAGT	120
	GCTATTGCTC TTAATCTCCT ATTTAACATA CCTTTAATCG TCGGTGCACT AATAACTGTA	180
50	CTTGATGTAT TTTTACTACT TTTTATAATG AAATATGGTT TTAGAAAAAT TGAAGCTATT	240
	GTTGGTACAT TAATTTTCAC AGTGTTATTC ATCTTTATAT TTGAAGTCTA TATTTTCATCA	300
55	CCACAGTTGA ATGCTGTGTT AAATGGATTT ATACCACATA GTGAAATCAT TACAAATAAC	360

TTACATTCAT CAATTGTACA ATCTAGAACA TACTCAAGAC ATAACAATGA AGAAAAAGCG 480  
 CAAGGaTTAA ATTTGCTACG ATAGATTGCA ACATTCAGTT ATCAATGCA TTTGTAGTCA 540  
 5 ATTGCTTATT ATTAGTGLTA GGAGCATCAC TATTTTkCAA CTCAAATGCT GACGATTTAG 600  
 GTGGTTTCTA TGATTTATAT CACGCCTTAA AAACCTGAACC TGTACTAGGT GCAACAATGG 660  
 GTGCAATCAT GAGTACATTA TTTGCAAGTG CATTATTAGC GTCAGGTCAA AATTCAACGA 720  
 10 TTAAGTGTAC TTTAGCAGGA CAAATTGTAA TGGAAGGATT TTTAAGATTA CACATACCAA 780  
 ATTGGTTAAG ACGTTTAATT ACACGTTCTC TTGCTGTCAT TCCTGTTATC GTATGCTTAA 840  
 15 TCAT 844

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 620:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 574 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 620:

TGTATTGCAG TCATGCCATA AATTTTTTGA ATAATAAACG GAGACGCAGA AATATAAGTA 60  
 AATAATATTA CAAATGTCAT ACCTTGGAAT GAGCATTGGT AATACAAAAC GTGGCGTCTT 120  
 30 CAATAATATT TTGAAGTTTT TAAACATTGT CTTTAATCCA CTACTTGACT CACGATTTGT 180  
 CACTGTTAAT GATTCAGGTA CTTTAAATAA AGAACCTATG ACCATGACGA AGCCAAAGAT 240  
 35 AGTCAGAATG ACAAAGACCA TACGCCAGAC AGAATAATTT AAAATTATGC CCCCTATTGT 300  
 TGGCGCAACA ACTGGTGCAA TACCATTAAAC AAGCATCAAT AATGCCATAA ACTTAGTTAG 360  
 TTCATTACCA CTATACATAT CACTTGCTAT AGCTCTTGAA ATAAGTCTG tGCGCCACCT 420  
 40 GTCACCTCCTT GAAGaAATCT TAATGCAACC ATCAGCCAAA TATTATGTAC AAAACAATA 480  
 CCTAACTTG CTAATGTAAA AATAATCATA GCTATAATAA GCGGCTTTCT GCGCCAGTT 540  
 45 GAATCTGAAA TTGGACnAGC AACCAAATTA CCAA 574

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 621:

## (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 523 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear



AAGCAAGAGA GAGTACAACA TTTATATGAT ATTAAAGACT TACATCGATA CTAATCATCA 60  
 5 GAAAGTTTTG AATTCAAGTAA TATTAGTGGT AAGGTTGAAA ATTATAACGG TTCTAACGTT 120  
 GTACGCTTTA ACCAAGAAAA TCAAAATCAC CAATTATTCT TATTAGGTAA AGATAAAGAG 180  
 AAATATAAAG AAGGCATTGA AGGCAAAGAT GTCTTTGTGG TAAAAGAATT AATTGATCCA 240  
 10 AACGGTAGAT TATCTACTGT TGGTGGTGTG ACTAAGAAAA ATAACAAATC TTCTGAACT 300  
 AATACACATT TATTTGTTAA TAAAGTGTAT GCGGAAAT TAGATGCATC AATTGACTCA 360  
 TTTTCAATTA ATAAAGAAGA AGTTTCACTG AAAGAACTTG aTTTCAAAAT TAGACAACAT 420  
 15 TTAGTTAAAA ATTATGGTTT ATATAAAGGT ACGACTAAAT ACGGTAAGaT CACTATCAAT 480  
 TTGAAAGATG GAGAAAAGCA AGAAATTGAT TTAGGTGATA AAT 523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 622:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1871 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 622:

30 AGAAGTGTGA nAAAAATTTA AnAGAGATAT GCACATAGAT GACGCATTGC TATATCCAAG 60  
 CAATTGAGAA AGCTGCTGAT GCTCCAAATC aCGGAATGAG GGAACCATGG AGAGTTGTGC 120  
 35 ATGTTCCGAA AGACAGATTA GGAGATATGA GTAAGGATAT TTCTAAATTT GCATTTCCCTA 180  
 ATGAATTAGA TAAGCAACAA TGTCATTATG ATGCAGTTAC GAACTAGGT GGCATGTTAT 240  
 TGCTTATTTT AAAAACAGAT CCAAGACAAC GTCAAAATGA TGAAACTAC TTTGCATTG 300  
 40 tGCATATGCA CAAATCTTA TGTGTACTT TATGAAGCG GGAATAGGTA CATGTTGGAA 360  
 aTCGCCATTA TATATCTATG ATCCTAAAGT AAGnAAACAC TTGGTATAAA GnAAGATGAA 420  
 GTTCTTGCTG GATTCTTATA TTTAACGGAT TTAGAAGnAG ATATGCCTAA AGCACCACGT 480  
 45 AAAAATAGAA ACTTAATTAC ATTATATTAA TATGTATAAT TATAGAAACA TTAATAAAAG 540  
 CTGAGTCATG AATTGATGGA CATCTATCGA GTTAGAGATT TAATCTAACT TACTAGAGTC 600  
 GGTACAATAA CAGTCTCAGC TTTTATTGT GCAGTATATA CACATTTTTA TTTTAGTATT 660  
 50 TATTtAAAAG TTtCTGCTaA AAATGATTCA ACTTGTTTCA GTGACTTAGC ATTTGCTGAA 720  
 TGAAGGTGTG CAATTTTATC GCCGTTTTTA AATACTAGCA AGCTAGGGAT ACCCATAACT 780  
 55 TCATTTTCAA CAACTACATC TTCTAATTCA TCACGATTAA CAGTATACCA TTGGTAATCA 840

CCTGCCTCAA ATTTAACAAT TACAGGTGTA TCGCTATTAA TTACAGATTT AAATGATTCA 960  
 TTACTTTTGA TTGATTGCAT TGTAACAACT CCTCTAGATA GTTTAATAAT TTTTATTATA 1020  
 5 GCTAAATTTA TATCATAATA AAAAATTTTA GCTTCAAAAT GAAAGCCTTT TGCTTTGGAA 1080  
 AATGATATAT TTATTTTAAA TACATAAAGG AGGTTGCAGT CGTATGATTA AATTTTACCA 1140  
 10 ATATAAGAAT TGTACAACCT GTAAAAAGGC AGCAAAGTTT TTAGATGAAT aTGGCGTAAG 1200  
 TTATGAACCA ATTGATATCG TTCAACATAC ACCTACAATA AATGAATTTA AAACAATAAT 1260  
 TGCAAATACA GCGGTAGAAA TTAATAAATT GTTTAATACA CACGGCGCGA AATATCGTGA 1320  
 15 GCTTGATTTG AAAAATAAAT TACAACTTT ATCAGATGAT GAAAAGTTAG AGTTGTTATC 1380  
 ATCTGATGGT ATGTTAGTAA AGCGTCCTCT AGCAGTAATG GCGGATAAGA TAACATTAGG 1440  
 ATTTAAAGAA GATCAATATA AAGAGACTTG GTTAGCGTAA GTGaAATGTA AGCGTTTACT 1500  
 20 AAATATCTCG ATATTTAGAT TCATTACATG TAAATGAAA TAAGCTATAC AATTGTTAAT 1560  
 TTTTATAAAT ATAGTTGAAT AGCATCTAGC CTTATGGCAT CATTAAATGAT GTAAAGATTA 1620  
 25 ATTAGGAGGG GATTCTCTTG GCAGTACCAA ATGAAYTGAA ATATTCAAAA GAGCATGAAT 1680  
 GGGTTAAAGT TGAAGGTAAT GTAGCAATAA TTGGAATCAC AGAATACGCA CAAAGCGAGT 1740  
 TAGGTGATAT TGTTTTCGTT GAATTACCAG AAACAGATGA TGAAATTAAT GAAGGGGATA 1800  
 30 CGTTTGGTAG CGTAGAATCA GTTAAACTG TATCAGAATT ATATGCACCA ATCTCTGGTA 1860  
 AAGTAGTTnA A 1871

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 623:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 451 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 623:

45 TTGCTGTAGA AGATAAAGAG TCCCATCAAT GGATAGGCTT TATAGGTTTG AATTATATTC 60  
 CAGAAACAAG CGATTATCCA TTAAAGAAT TACCGCTTTA TGAAATAGGT TGGCGCTTGT 120  
 TGCCAGAATT TTGGGGAAAA GGATTAGCAA CTGAAGGCGC AAAGGCAACA TTGAAGTTAG 180  
 50 CAGAAGAACA TCAAATATAC GATGTCTATA GTTTTACAGC AGAAGCAAAT AAAGCTTCAC 240  
 AACGTGTAAT GGAAAAAATT GGCATGACAG TGTATGATCA TTTCGAATTA CCCAATCTAA 300  
 55 GTAAGTATCA TTTATTaAAA AGGCAAGTGC GCTATTACAT TAATCTTCCG AAAGTGGAAG 360

ATTAGGGGGT GtTTnGtKtTn ATTTTTTTAA n

451

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 624:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 665 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 624:

15	CGATAGTTAT CTAAAGCCAT TTTnGATTGT GTTATGAAAT CTAATGATGC GTGATAATTT	60
	AATGCrACAT AACGrTaATA TAAAATATCA ATAGTGAACA TTTGAGCAA TAATGAAGTT	120
	GTTGCTCCCA TATGCATCTC ATTTTCATCA GTTTTCCCAT AAGTTAAAAC AATATTTGAT	180
20	GCCTGTGCTA CGGGATTATC CCTTGTAATA GTAATTGTAA TTATAGGTAT ATGGTAGTCA	240
	TCAATAACTT TAACCATTGA TTGCATTTCA CTTTGCCTAC CATTGTTAGT AATAAGAATA	300
	aCACTGTCGT TCGAATTGTG AGTTGCTAAT AATGTAGCAA AAATATGTGT TTCTTGAACA	360
25	AGTTGAATAT TAAGACCTAT TCTTGATAAC TTTTGGTATA AGTCGGTAGC AACTACAAAA	420
	GATGCGCCAA AACCATATAT AAAAATCGTC TCAGAACGTT TTAAACAATG ACATATTTGA	480
30	TCAATAGTTT TATCATTTAA TTCGTTATTT GCATGATTAA GTGCGCGTGT AGTACGTGTA	540
	TGGAGTTTAG TTCTTAAAGA TTCTGTGCTT TCGTTATTCA TTAATTCAAC ATTGTAAATT	600
	GATGATGCTT TAGGAACATA TTTAGATATA TTTATTTTCA AGTCGTGAAA ACCGCCATCA	660
35	GTAAT	665

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 625:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2549 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 625:

	GATGCCAATT AACCGTGCAT ATAATGTTGA GAAGTTAATC GAAGCAATTC AATATTATCA	60
50	AGAAAAACA AATCGTCGTG TTAATTTTGA ATATGGTCTG TTTGGTGGTG TGAATGACCA	120
	ACTAGAACAT GCAAGAGAAT TAGCACATTT AWTAAAAGGC TTAAACTGCC ATGTTAACTT	180
	AATTCctGTC AACCATGTTT CAGAAAGAAA TTATGTGAAA ACGGCTAAAA ATGATATCTT	240

	TTCGGATATT GACGCAGCTT GTGGTCAATT AAGAGCAAAG GAACGACAAG TAGAAACGAG	360
	GTAAAGACAA ATGCTAGAGG CACAATTTTT TACTGATACT GGACAACATA GAGATAAGAA	420
5	TGAAGATGCG GGTGGTATTT TTTATAATCA AACTAATCAA CAACTTTTAG TTCTGTGTGA	480
	TGGTATGGGT GGCCATAAAG CAGGAGAAGT TGCAAGTAAA TTTGTTACAG ATGAGTTGAA	540
	ATCycGTTTT GAAGCGGAAA ATCTTATAGA ACAACATCAA GCTGAAAATT GGTTCGTGTA	600
10	TAATATAAAA GATATAAATT TTCAGTTATA TCACTATGCA CAAGAAAATG CAGAATATAA	660
	AGGTATGGGT ACAACATGTG TTTGTGCACT TGTTTTTGAA AAATCAGTTG TGATAGCAAA	720
15	TGTCGGTGAT TCTAGAGCCT ATGTTATTAA TAGTCGACAA ATTGAACAAA TTAGTAGTGA	780
	TCACTCATTT GTTAATCATC TTGTTTTAAC GGGTCAAATT ACGCCGGAAG AAGCATTTAC	840
	ACATCCACAA CGTAATATTA TTACGAAGGT GATGGGCACA GATAAACGTG TGAGTCCAGA	900
20	TTTGTATTATT AAGCGATTAA ATTTTTATGA TTATTTATTA TTAAATTCAG ATGGATTAAAC	960
	TGATTATGTT AAAGACAATG AAATTAAGCG TTTGTTAGTA AAAGAAGGTA CAATAGAAGA	1020
	TCATGGTGAT CAATTAATGC AATTGGCATT AGATAACCAT TCGAAAGATA ACGTTACTTT	1080
25	CATACTCGCG GCTATTGAAG GTGATAAAGT ATGATAGGTA AAATAATAAA TGAACGATAT	1140
	AAAATTGTAG ATAAGCTTGG CGGCGGTGGC ATGAGTACCG TTTATCTTGC TGAAGATACG	1200
	ATACTTAACA TTAAAGTTGC AATTAAGGCG ATTTTTATAC CACCTAGAGA AAAAGAAGAA	1260
30	ACATTAAAAC GTTTTGAACG AGAAGTACAT AACTCATCAC AGCTATCACA TCAAAATATA	1320
	GTAAGTATGA TCGATGTTGA TGAAGAAGAT GACTGTTACT ACTTAGTAAT GGAATATATC	1380
35	GAAGGTCCGA CTTTGTCTGA GTATATTGAA AGTCATGGGC CATTAAAGTG TGACACAGCG	1440
	ATTAATTTTA CGAATCAAAT ATTGGATGGC ATTAAACATG CGCATGATAT GCGTATTGTA	1500
	CATAGAGATA TTAAGCCACA AAATATATTA ATTGACAGCA ATAAAACGTT GAAAATATTT	1560
40	GATTTTGGA TTTGCTAAAGC TTTAAGTGAG ACGTCTTTAA CTCAGACTAA TCATGTGTTA	1620
	GGTACTGTGC AGTACTTTTC GCCAGAACAA GCAAAAGGTG AGGCAACGGA TGAATGTACA	1680
	GATATTTATT CTATAGGTAT KGTGTTATAT GAAaTGCTTG TTGGTGAACC ACCCTTTAAT	1740
45	GGAGAAACTG CAGTTAGCAT TGCGATTAAA CATATTCAGG ATTCTGTGCC AAATGTGACA	1800
	ACAGATGTAC GTAAGGATAT TCCGCAATCT TTAAGTAATG TCATTTTACG CGCTACAGAA	1860
50	AAAGACnAAG CGAATCGTTA CAAAACAATT CAAGAAATGA AAGATGATTT GAGTAGTGTT	1920
	TTACATGAAA ATCGAGCGAA TGAAGATGTC TATGAACTCG ATAAAATGAA AACGATAGCG	1980
	GTACCTTTGA AAAAAGAAGA TCTAGCAAAG CATATTAGTG AACATAAGTC GAATCAACCT	2040

55

EP 0 786 519 A2

	AGCCAGAAGG TACGGTGTAC GAACCAAAAC CTAAAAAGAA ATCAACACGA AAGATTGTGC	2160
	TCTTATCACT AATCTTTTCG TTGTTAATGA TTGCACCTGT TTCTTTTGTG GCAATGGCAA	2220
5	TGTTTGGTAA TAAATACGAA GAGaCACCTG ATGTAATCGG GAAATCTGTA AAAGAAGCAG	2280
	AGCAAATATT CAATAAAAAC AACCTGAAAT TGGGTAAAT TTCTAGAAGT TATAGTGATA	2340
	AATATCCTGA AAATGAAATT ATTAAGACAA CTCCTAATAC TGGTGAACGT GTTGAACGTG	2400
10	GTGACAGTGT TGATGTTGTT ATATCAAAGG GCCCTGAAAA GGTAAATG CCAAATGTCA	2460
	TTGGTTTACC TAAGGAGGAA GCCTTGCAGA AATTAAAATC GTTAGGTCTT AAAGATGTTA	2520
15	CGATTGAAAA AGTATATAAT AATCAAGCG	2549

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 626:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2286 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 626:

	TGCTTACTTC GCCTTCAATA CGTACTAATT CATGTCCACA ACTTGGACAA TGGGTGGCA	60
	TATGATATGT GACAGCATCC TCAGGTCTAC GTTCTGGAAT ACTACGTACA ACTTCAGGTA	120
30	TGATGTCACC TGCTTTTTTC ACTACAACAC TATCACC AAT TCGAATATCT CTGTCATGAA	180
	TTAAATCCTC ATTGTGCAAA GATGCTCTTG aTACAGTTGT ACCAGCTACT TTTACTGGTT	240
35	CTAAATAGC AGTAGGTGTG ACTACACCTG TTCGTCCAAT ACTTAATTCA ATATCTAATA	300
	ATTTAGTTAC TACTTCCTCA GCTGGAAATT TATAAGCAAT GGCCCATCTA GGAGATTTTT	360
	GTGTGAATCC CATCTCATCC TGTTGATCTA AATCATT AAC CTTAATAACA ATCCCATCAA	420
40	TATCATAAGG TAATGACTCT CTTTGGCTTG TCCATTTTTTC AATATACTCT AAAACACCAT	480
	CGATATTATT TACACGCGCT CTATTTTTAT TCGTTGTAAA ACCTAATTTA TCTAACTCAT	540
45	CTAATGCTTC ACTTTGCGAA CGCGCATTGA AATCAGTGAA ATCATTGACA CTATATATAA	600
	ATACGCTTAG CTTTCGTTTT GCCGTTAATT TAGAATCTAA CTGTCTTAAT GATCCCGCAG	660
	CAGCGTTTCT TGGATTnGCA AATAACTGCT CATCATTTTT TTCTTTTTCT TCATTTAATC	720
50	GTAAAAATGA ACGTCTCGGC ATATATGCTT CACCACGAAC TTCTACATTT AATGGtTCTT	780
	TCATTTTCAA AGGTATCGCA TGAATTGTTT TtaAATTTTC GGTAATATCT TCACCTGTTG	840
55	TTCCATCACC ACGTGTTAAA CCTTGaACGA AGTATCCATC AACATATTTT AATGATACTG	900

EP 0 786 519 A2

	GTTGGTCGAA TTTTCTCAAA TCATCCTCAT TAAATGCATT CCCTAAACTT AACATTGGCG	1020
	TGTCATGGTT GACTTTATTG AAAGAGGCTT GGGCTTCACC GCCAACTCTA ACTGTTGGAG	1080
5	AATCTACAGT CTTATACTCA GGATGCTCCT CTTCTATTTT AATCAGTTCA TGAAGTAATT	1140
	TGTCATATTC ACTATCTGGT ACAGATGGAT TATCCTCTAC ATAGTATTCA TAACTGTATT	1200
	GATTTAATAA ATCATGTAAC TCGTTCACAC GAGACGATAA ATCAGCCATC CCTTAATCCT	1260
10	CCTTTTTTtC AATTGGTGCA AATTGCGCTA ACAAACGTTT TGGCCCTTGT GATTTAAAGA	1320
	TAATATCTAG TTCGATTGAG CCATTTTCTT CGTTTACATT ACTCACCATG CCTTCTCCCC	1380
15	AGGCTTTATG CATCACTTTG TCACCTACAT TCCAATCAGA TGACAATACT TGTTTTTTCG	1440
	TTGACGTTGT TCGTTGACTA AATCCGCGTT TAGCAAAAGG TTTTGCCTTA GGTGTGTATCG	1500
	TTTGTCGTTT GCCACTTGAA TGATTTTCTA ATAGTGATTC TGAATTTCC TTTAAAAATC	1560
20	TGGATGGCAT ATTTGACTGA GGGCGACCAA ATAACATTCT TGATGTCGCA TGAGTGATAT	1620
	ATAACACCTC TTCAGCCCTT GTAATTGCTA CATAACAAAT ACGACGTTCT TCTTGCAITT	1680
	CATGATCATC TTCACTCTTA ATCGCTCTAA TATGTGGGAA TAAAGATTCT TCCATCCCCA	1740
25	TTATAAAGAC AATTGGAAAT TCAAGGCCCT TAGCCGAGTG CATCGTCATT AGTGTTACGC	1800
	CATTTTCAGT ATCTGCCTCA TCAATATCAG CTACTAACGA TAAATCCGTT AAAAAGTTAA	1860
30	TTAATGACTG TTCTTCTAAT GGGGTATTTT CCTCATAGTC TTTTGGTACT GACATAAATT	1920
	CATCGATGTT TTCTAATCTA CTTGAGATT CTAATGTATT TTCACGTTCA AGCATTTCTC	1980
	GATAGCCAGA CTTTTGTAAT ACTTCATCAA CTATTTTCATG AATTTCTAAA AATTCTTGTT	2040
35	CTTTTATCAA GCTTTGGATT AACTCGTAAA AATTAAGACA CTCTTGTC ACCTTTTTTG	2100
	aCAATCCGAT AAAATCAGCT TCTCCAAGTG CATCAAACAT ACTGATATTG TTTTGAAGTG	2160
	CATAGTTTTG AACTTTTTCA ACAGATGAAG GACCTACACC TCTTTTTTGA ACATTaATAA	2220
40	TACGTTGCAA ACTAATGTCA TCATTACTAT TGGCAATTAT ACGCAAATAA CTTAATAAAT	2280
	CTTTGA	2286

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 627:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 400 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 627:

TGACATTAAA AGTTGGGTGA AnAAACAAGG CATACTTTAG TTAAGCTTGA TGAAATAAAC 120  
 AATGGAATTA ATGCGATTAT TCAAAAAGAA AAAGCAAAAG ATTTAGATAT AAATTATTCT 180  
 5 GCTAAAGGTA CTACCAATTG TATTATTTAG TGGAGAATTA GACAAGCTGT AGCAGCGTTG 240  
 ATTATTGCCA ATGGTGCTAG AGCTGCTGGA AAAGATGTAA CTACCTCCTT ACTTTTTTGGG 300  
 GGCTTATGCC nTTAAAAAAG TGCCACCGTT AATGTTAAAA GCAGTTGCCA AAATGTTTGA 360  
 10 TTnATGTTGC CCCAAAAGAT TTACGATGCC CCTTCCCAA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 628:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 453 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 628:

AATAATTGG GCGCTnTTTG CGTCGGGATA TTATACCGCT TCCTTAATTG TTCAACATTG 60  
 25 TAATCACTGT TTTTCAATTG ATATTTTGCA GAGTAAATTG GTACTTCTGG GTTATATGAC 120  
 ACTTCGTCCT CTTTATAGTT TTCCAATTCT TTGAAATTCC CGTATTGTAC AAAGAAGTTA 180  
 AATTCTTCGA TTTCTTTTTT TACTTTTTCG TCATCGATTG GTTTTAATGG AATCATTTTA 240  
 30 TTAKTTTCCA TTTTCACAGG ATATCTTTTT GTATGATTGT GTGTCATTCC ATCGCTATCT 300  
 TCAACAACCTT CTCTAACAAT ATAATGCCCT TTAGCCGTTT TAGTATTTCT GTTAATTTCT 360  
 35 AAAACTGCTC CTCTrGATTG CAGATTTTCT CCTTTTAATT GGATTTTCAT TTCAGATCTA 420  
 ATTAGcCAAG TACCTTTATC ATCTtTTTTA AAT 453

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 629:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1221 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 629:

TCATATGCAT TTGCAAAATA AACGCCAGAA GCAAGGTTTA GAATTGGGCC GTCCGTTTTG 60  
 50 CTCAaTTCAC TTGcATTCAA TAATTCATGC TGATCATGAT CAATTTGCTT ATCTAATTCT 120  
 GCaATTTTCT TCATTTGCTT ATCTGATTG TTTTCTTTTCG CCATCATTTG ATCAGGACGA 180

GCTAATGGTA CTAATACTTT ATCTCCATAT GTGTCAATAA AGTTATAAAA ATAATCATCT 300  
 GTTTTTGATA CAAATCCAGC ACGCTCTTCA GTTTCACGAT ATAAATCTAA GAAAAGATTG 360  
 5 AACTCATCAC GTTCAAGGAA TCTGACTTTA ACACCATAGT TTATCGCTTT ATTAATATTA 420  
 CGTTTACGTT GACTATCAAA TGTCTTTTTT AATGTTTCGG GTGTTTTACC TTCAAGGTTT 480  
 10 AATACGCCCA TCCATCGTAC TTGGCTCGAT GTATCATACT CAGTTGTAAA GCCATGATGC 540  
 TCGTAACCAT GTGATTTAAA CAAGTTTACT AGGGCATCAT TTTTCTCGCG ACCTTCAAAT 600  
 GGCACGATAT CTTTATCATA TAGATGATAT AACCAATACG GATCTAATTT AACATATAAA 660  
 15 CATTGATGTT GCTGTAAATA TTTATCTAAC TCTTTTAAAT AATAATCAAC TAATCCTAAA 720  
 TCTGAAAAAT CCATTACTGG ACCACGATTC GAATAGTAAA CATAACTTCC CATAGTAGGA 780  
 ATTTTAGAGA AAAGGCTTGC TGCAATTACT TTGTTATTGT CGTCTTTAAT ACCTAATAAA 840  
 20 ACTACTTCAA AGCCATCATT CTCACGGGTA ACTATATTTT CTTTACTTGG GAAATAATGA 900  
 CTTTCCAATG ATGGATTTTG TACAAAGTTG TCAAATTCGG TAACAGTTAA CTCTGTAAAT 960  
 TTCATGTTTT GATAATTCCT TCCTAAAAAA TTCTGTCTTT AACTTTTTTA AGTGCGGTAT 1020  
 25 ATGCTGCGTA AACAGGTTTA TTAATTGGTT TAATAAAGTC ACCAACATAT TCATAAATTT 1080  
 CAGCATTGTA ACCTTTTTTG AATTAACTA CACCAGCATC TTCAGCATCT TCTGTAAATT 1140  
 30 TTCCACTAAC ACCATAGAAA TTATAACGGT CAATGCATGA TTTAATGCAT AATTAATCAT 1200  
 TTCCCATGTC ACTGCATAAC T 1221

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 630:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 630:

TGGCCCAANT AACACAAGTA ATTGCTGCTA ATGGTAACAT CACAAAAAAT GAAATCGTAA 60  
 45 CTACAAATGT TAAACCTTGG AATACACCAA CCATTTCTGG TAATCGTTTA CTATAGTATC 120  
 TATTGTGAAT CCAAGTAATA ATAGCTGAAA TAATAATACC ACCTAGAATA TTCGTATCCA 180  
 50 ATGTGGCAAT ACCTGCAATT GATTTTAAAC CAGGTACATT TTCAACGCCT TTTTCTAAAT 240  
 TAGCGCCAAA CGTATGTGGC CATGTGTGTA AAATGGCATT TATAAATGTA TTAAACATTA 300  
 AGTAACCCAT CAATGCTGCA AGTGCTGCAT GACCTGGTGC TTTTTTAGCT AAAGAAAGTG 360

55